

REC'D 14 JAN 2000

PCT/JP 99/06412

WIPO

日本国特許庁

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

17.11.99

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application:

1999年 3月16日

出願番号
Application Number:

平成11年特許願第069811号

出願人
Applicant(s):

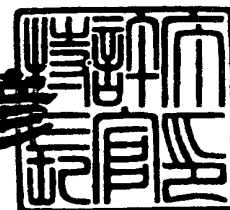
財団法人相模中央化学研究所
株式会社プロテジーン

PRIORITY
DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年12月24日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

近藤 隆彦



出証番号 出証特平11-3089731

【書類名】 特許願

【整理番号】 S018194

【提出日】 平成11年 3月16日

【あて先】 特許庁長官殿

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトプロテインとそれをコードするDNA

【請求項の数】 6

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松3-46-50

 【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県川崎市多摩区西生田4-1-28-302

 【氏名】 木村 知子

【特許出願人】

 【代表出願人】

 【識別番号】 000173762

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

 【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

 【代表者】 近藤 聖

 【電話番号】 042(742)4791

【特許出願人】

 【識別番号】 596134998

 【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号

 【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

 【代表者】 棚井 文雄

 【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

 【予納台帳番号】 011501

 【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】	明細書	1
【物件名】	図面	1
【物件名】	要約書	1
【プルーフの要否】	要	

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトプロテインとそれをコードする DNA

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項 2】 請求項 1 記載の蛋白質のいずれかをコードする DNA。

【請求項 3】 配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA。

【請求項 4】 配列番号 21 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項 3 記載の cDNA。

【請求項 5】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項 6】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA を発現し、請求項 1 記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒト cDNA は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、この cDNA がコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法では機能のわかった蛋白質の遺伝子しかクローン化できない。

【0005】

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメイ

ンを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長cDNAの全塩基配列を決定してやり、そのcDNAがコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、そのcDNAは分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードするDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長cDNAバンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードするcDNAをクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードするDNA、例えば配列番号11から配列番号30で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA、並びにこのDNAをインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこのDNAを発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードするDNAを用いて組換えDNA技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換えDNA技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明のcDNAを有するベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベ

クターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ脾臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現システム、pGEX発現システムなどが例示できる。

【0011】

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、この

cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リボソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせて行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞

で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)]、Gubler-Hoffman法[Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

【0016】

本発明のcDNAは、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号(HP番号)、cDNAクロー

ンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0017】

【表1】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP02883	KB	4027	392
2、12、22	HP03140	HT-1080	2495	497
3、13、23	HP10628	HT-1080	1617	417
4、14、24	HP10629	WERI-RB	3269	649
5、15、25	HP10635	WERI-RB	458	93
6、16、26	HP10636	HT-1080	1712	425
7、17、27	HP10640	WERI-RB	1055	149
8、18、28	HP10644	WERI-RB	1616	396
9、19、29	HP10656	PMA-U937	1860	350
10、20、30	HP10672	胸腺	783	153

【0018】

なお、配列番号11から配列番号30のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号11から配列番号30において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇には

いる。

【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0022】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用了。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、フィブロサルコマ細胞株HT-1080cDNAライブラリー(WO98/11217)、骨肉腫細胞株Saos-2cDNAライブラリー(WO97/33993)、類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリー(WO98/11217)、手術によって摘出された肝臓組織cDNAライブラリー(WO98/21328)を用了。また、ホルボールエステルで刺

激した組織球リンホーマ細胞株U937 (ATCC CRL 1593) mRNA、ヒトレチノブラストーマ細胞株WERI-RB (ATCC HTB 169) mRNA、ヒト胸腺mRNA (Clontech社製) から作製したcDNAライブラリーを用いた。

個々のライブラリーから完全長cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長cDNAクローンからなるホモ・プロテインcDNAバンクを構築した。ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された完全長cDNAクローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法 [Kyte, J. & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157:105-132 (1982)] により、疎水性/親水性プロフィールを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

【0024】

(2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T_NTウサギ網状赤血球溶解物キット (プロメガ社製) によるインビトロ転写/翻訳を行なった。この際 [³⁵S] メチオニンを追加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2 μgを、T_NTウサギ網状赤血球溶解物12.5 μl、緩衝液 (キットに付属) 0.5 μl、アミノ酸混合液 (メチオニンを含まない) 2 μl、 [³⁵S] メチオニン (アマーシャム社) 2 μl (0.37 MBq/μl)、T7 RNAポリメラーゼ0.5 μl、RNasin 20 Uを含む総量25 μlの反応液中で30℃で90分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ脾臓ミクロソーム画分 (プロメガ) 2.5 μlを追加して行なった。反応液3 μlにSDSサンプリングバッファー (125 mMトリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM 2-メルカプトエタノール、2% SDS溶液、0.025% ブロモフェノールブルー、20% グリセロール) 2 μlを加え、95℃ 3分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行

ない、翻訳産物の分子量を求めた。

【0025】

(3) COS7による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を $100\mu\text{g}/\text{ml}$ アンピシリン含有 $2\times\text{YT}$ 培地 2ml 中で 37°C 2時間培養した後、ヘルパーファージM13KO7($50\mu\text{l}$)を添加し、 37°C で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを $100\mu\text{l}$ の 1mM トリス- 0.1mM EDTA、 $\text{pH}8$ (TE)に懸濁した。

【0026】

サル腎臓由来培養細胞COS7は、 10% ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル(DMEM)培地中、 $5\%\text{CO}_2$ 存在下、 37°C で培養した。 1×10^5 個のCOS7細胞を6穴プレート(ヌンク社、穴の直径 3cm)に植え、 $5\%\text{CO}_2$ 存在下、 37°C で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに 50mM トリス塩酸($\text{pH}7.5$)を含むDMEM(TDMEM)で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液 $1\mu\text{l}$ 、DMEM培地 0.6ml 、TRANSFECTAMTM(IBF社) $3\mu\text{l}$ を懸濁したものを添加し、 $5\%\text{CO}_2$ 存在下、 37°C で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEMで細胞表面を洗浄し、 10% ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり 2ml 加え、 $5\%\text{CO}_2$ 存在下、 37°C にて2日間培養した。培地を $[^{35}\text{S}]$ システインあるいは $[^{35}\text{S}]$ メチオニンを含む培地に交換した後、1時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地画分と細胞膜画分の蛋白質をSDS-PAGEにかけた。

【0027】

(4) クローン例

<HP02883>(配列番号1、11、21)

ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP02883のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、 191bp の5'非翻訳領域、 1179bp のORF、 2657bp の3'非翻訳領域からなる構

造を有していた。ORFは392アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、3個の推定膜貫通ドメインが存在した。図1にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量43,381とほぼ同じ40kDaの翻訳産物が生成した。

【0 0 2 8】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質CET24F1.2 (GenBankアクセス番号Z49912) と類似性を有していた。表2に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と線虫仮想蛋白質CET24F1.2 (CE) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側178アミノ酸残基の領域において、35.4%の相同性を有していた。

【 0 0 2 9 】

【表 2】

表 2

HP MEGVSALLARCPTAGLAGGLGVTACAAAGVLLYRIARRMKPTHTMVNCWFCNQDTLVPYG

* . . ** . * * . . . * * . **** . . . * * *

CE MEVAAAVGVIASVPILYK-AIRPR-IKTSVECWFCRKSTKVEYQ

HP NRNCWDCPHCEQYNGFQENGDKPIPAQ-----YLEHLNHVVSSAPSLRDP-SQPQQ

****...** ***** *.*****..**.* * *. . . . ***

CE QRNSFTCPSCEQYNGFTEDGDYNRRIPGQAWTTPKRYCEPGKMQSEKPSTFLDRFGGVNM

HP WVSSQVLLCKRCNHHQTTKIKQLAAAFAPREEGRYDEEVEVYRHHLEQMYKLCRPCQAAVE

. . ** ** * * . * . * . * . * . * . * ** . . ** . ** . ** . * . *

CE SPKASNGLCSECNLGQEIIMNKVAEFEPIDEDRWNEELEDYRYKLERYMYQLCPRCTIQVH

HP YYIKHQNRQLRALLSHQFKRREADQTHAQNFSSAVKSPVQVILLRALAFLACAFLLTTA

..... ** .. *

CE GKLEEDKKKY-SYLLKVKYKLKHAIGSTLREVMNNQKRSRRFFFAGGSTCEALHFGCLIS

【0030】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号F11409）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0031】

<HP03140>（配列番号2、12、22）

ヒトフィブロサルコーム細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP03140のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、29bpの5' 非翻訳領域、1494bpのORF、972bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは497アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1個の推定膜貫通ドメインが存在した。図2にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量54,245とほぼ同じ51kDaの翻訳産物が生成した。

【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質CELC50D2（GenBankアクセシオン番号AF040642）と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質（HP）と線虫仮想蛋白質CELC50D2（CE）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側393アミノ酸残基の領域において、37.9%の相同性を有していた。

【0033】

【表3】

表3

HP	MALWRGSAYAGFLALAVGCVFLLEPELPGSALRSLWSSLCLGPAPAPPGPVSPGRLAAA
	＊ ＊ . . .
CE	MFSETFVPSIFSYPKRLHLSVLFIVPYWYSYNDQHLSSYSVETAMFLS

HP WDALIVRPVRRWRRVAVGVNACVDVVLGKLLQALGLSPGNGKDHSLHSRNDLEEF I
 *. **.** * **.***.***.***.***.*
 CE WERAIVKPGAMFKKAVIGFNCNVDLIVSGVRVVDALNTTCSEKDKQETLETADLHQTF A
 HP HFMWKGAAAERFFSDKETFDIAQVASEFPGAQHYVGGNAALIGQKFAAN-SDLKVLLCG
 . ***.*... *.*.....**.* ..* * *
 CE HFFQRGAAAERYMSSSEDQFNLLVAESEASTRSHHHIGGNAALMADRIAANFPSTEVYLVG
 HP PVGPRLLHELLDDNVFVPPELQEVDEFHLILEYQAGEEWGQLKAPHANRFIFSHDLSNGA
 *.*** ..**.* ***.***.*** *.. ** ..*** ** *..*.
 CE PIGPRSQALLHPSVKRTNSTRILKDELHVILEYKQGEILGDWVAPSSSRFITSHDHFGS
 HP MNMLEVFVSSLEEFQPDVLVLSGLHMMEGQSKELQRKRLEVVTSISDIPTGIPVHLELA
 * ..*.**.....*.*.* **.*..... ..**.***.*
 CE MVVMEMFFKAIAQFRPDLVVITGVHLLFQSKEMRQEKMRILKRNLLQIPPKVPIHLELG
 HP SMTNRELMSSIVHQQVFPVAVTSLGLNEQELLFLTQSASGPH-SSLSSWNGVPDVGMVSDI
 *... *..*.* ** *.....**.* **..*.* ** ..*.* * ..
 CE SLAD-EIFSTDVINKILPYVDSLGINEQELTFLSHIANGPHMEEYPVQAGTVHVHKVVEM
 HP LFWILKEHGR-----SKSRASDLTRIHFHTLVYHILATVDGHWANQLAAVAAGARVAGT
 * *..*.* ***.....*.***.*.....*.* *.....**.*
 CE LHWLLKTYGRDPTGQIASKTGYRLSRIHFHCLTYHIMVSSGTDWSNLAAGLAAGARIAGR
 HP QAC--ATETIDTSRVSLRAPQEFMTSHSEAGSRIVLNPKNKPVVEWHREGISFHFTPVLVC
 .**.*.....*.*.*.
 CE LSCNIGANTMDSELLEIRTPANFVLDDKIEKNYQFEAHKYMLTPFNIA RCSTR LIRKPP
 HP KDPIRTVGLGDAISAEGLFYSEVHPHY
 CE GGGILDEGVTFSDVHNVLNPTTRLPYPEEQLEHIEKTSSEIMKERNKIRYGTRKKKDS

【0034】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 A A 3 5 6 0 0 0）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0035】

<HP10628> (配列番号3、13、23)

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10628のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、66bpの5' 非翻訳領域、1254bpのORF、297bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは417アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4個の推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量45,461とほぼ同じ46kDaの翻訳産物が生成した。

【0036】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、住血吸虫 (*Schistosoma mansoni*) ATP-カセットファミリー蛋白質 (GenBankアクセション番号L26286) と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と住血吸虫 (*Schistosoma mansoni*) ATP-カセットファミリー蛋白質 (SM) のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端側294アミノ酸残基の領域において、39.5%の相同性を有していた。

【0037】

【表4】

表4

HP	MLVHLFRVGIRGGPFPGRLLPPLRFQTFSAVRYSDGYRSSSLLRAVAHLRSQWLWHLPR
SM	MFSALCRRGFLTINKVSQFRSTYKCDHYNLKT
HP	PLAPRWSPSAWCWVGALLGPMVLSKHPHLCVLCEAEEAPPASSTPHVVGSRFNWKL
SM	HIKPLKCSSSLRLTVGTGLFIALHSKISPESRIQTVQCEVDSYQTDQITFAKSGGIPRYI
HP	WQFLHPHLLVLGVAVVLALGAALVNVQIPLLLGQLVEVVAKYTRDHVGSFMTESQNLSTH

.. * . . * * . . * . ** . ** ** ** ** * * *

SM GVLILPDCVYLFGAILGAFVAAVMNVYIPLYLGDFVSSLRCVVTHEG-FVSAVYVPTLR
 HP LLILYGVQGLLTFGYLVLLSHVGERMAVDMRRALFSSLLRYCQPQGAELGQDITFFDANK
 * * .*. * ** *. **. ***** ** .*. *. * **... **...
 SM LCSSYLLQSLSTFLYIGLLGSVGERMARRMRIQLFRKLV-Y-----QDVAYFDVHS
 HP TGQLVSRLTTDVQEFKSSFKLVISQGLRSCTQVAGCLVSLMLSTRLTLLMVATPALMG
 .*. **. ... ***, ***** *****. .*. *. . * .*. ** * . * ..
 SM SGKLVEIIGSDVQNFKSSFQKQISQGLRNGIQVVGSVFALLSISPTLTAALIGCLPCVFL
 HP VGTLMGSLRKLSQCQCEQIARAMGVADEALGNVRTVRAFAMEQREEERYGAELEACRCR
 .*. ***, .*. *. * . *. * . . . ***, ... ***, ... ***,
 SM IGSLMGTEL RHISREVQSQNSLFASLIDEAFSHIRT VKSLAMEDFLINKINYNVDKAKML
 HP AEELGRGIALFQGLSNIAFNCMVLGTLFIGGSLVAGQQLTGDLMSFLVASQTVQRL
 .*. *. **. *****... * .***. *. ** *.. .*. *. *****... ***, **
 SM SEKLSFGIGSFQGLSNLTLNGVVLGVLYVGGHLSRGELDAGHLSFLATTQTLQRSLTQ

【0038】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 U66688）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0039】

<HP10629>（配列番号 4、14、24）

ヒトレチノブラストーマ細胞株 WERI-RB cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10629 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、259bp の 5' 非翻訳領域、1950bp の ORF、1060bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 649 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、少なくとも 8 箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図 4 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0040】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質 CELF38B6 (GenBank アクセション番号 U40060) と類似性を有していた。表 5 に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と線虫仮想蛋白質 CELF38B6 (CE) のアミノ酸配列の比較を示す。- はギャップを、* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基をそれぞれ表す。C 末端側 445 アミノ酸残基の領域において、39.1% の相同性を有していた。

【0041】

【表 5】

表 5

```

HP MIPNQHNAGAGSHQPAVFRMAVLDTDLHILPSSVLPPFWAKLVGGSVAIVCFARSYDGD
CE                                     MKYAEINVNSGKHFRNLNYKLHETS
HP FVFDDSEAI VNNKVAGVVGRADLLCALFFLLSFLGYCKAFRESNKEGAHSSTFWLLSIF
CE TLGYHV VNI ICHTVATLVFYKLGKQLEHIFDFFNIAFSASILFAVHPVHTEAVANITGRA
HP LGAVAMLCKEQGITVLGLNAVFDILVIGKFNVL EIVQKVLHKDKSLENLGMRLNGGLLFR
CE ELLMTIFSLAALILHVKNREINCKFVLLVILSTLSKEQGLMTIPIAICIDFLAHRSCRSN
HP MTLTSGGAGMLYVRWRIMGTGPPAFTEVDNPASFADSM LVRAVN YNYYYSLNAWLLLC
    ..* .. * ... **..***..* ..* ..* ..*..* ..*..* ..*
CE FVRMICLLVAIGFLRMVNGFEAAKFTKLDNPTAFLNSKFYRMINYTYIWLYHAYLLVIP
HP WWLCFDWSMGCIPLIKISDWRVIALAALWFCLIGLICQALCEDGHKRRILTLGLGLFV
    ****.*****. *... * ..**... ..* ..* ..* ..* ..*
CE VNLCFDYSMGCISSITM--WDLRALSPVLIFTIVIIGVKF----QNECRAFTLSSLMGI
HP IPFLPASNLFFRVGFVVAERVLVLP SIGYCVLLTFGFGALSKHTKKKKLIAAVVLGILFI
    *.*****. ** *** .***** *..* ..* ** * ..* ..* ..*
CE ISFLPASNIFFTVGFSIAERVLVLP SAGFCLLCAIIFKKLSVHFKNADVLSITLILLIS
HP NTLRCVLRSGEWRSEEQLFRSALSVCP LNAKVHYNIGKNLADKGNQTAAIRYYREAVRLN
    . * * *****. * ..*..***** **..***. ** *..* ..* ..*..*
CE KTYR---RSGEWKTELSLYSSGLSVCPTNAKIHYNLGKVLGDNGLTKDAEKYWNAIKLD
HP PKYVHAMNNGILN ILKERNELQEA ELLSLAVQIQPDFAAAWNLGIVQNSLKRFEAAEQS

```

```

*. * .*.*****.*..... ..**.*. ** ..*.***.***** * .**.. **. *
CE PSYEQALNNLGNLLEKSGDSKTAESLLARAVTLRPSFAVAMNNGISQMNLKKYYEAEKS
HP YRTAIKHRRKYPDCYYNLGRLYADLNRHVDALNAWRNATVLKPEHSLAWNMIILLDNTG
..... *.. ..* .*** **. **. *..***.*** ..*.** .*.*****. .
CE LKNSLLIRPNSAHCLFNLGVLVYQRTNRDEMAMSAWKNATRDPSSHSQSWTNLFVVDHLS
HP NLAQAEAVGREALELIPNDHSLMFSLANVLGKSQKYKESEALFLKAIKANPNAASYHGNL
. *. . . .** .** . . . . . * .....* . . ***. .... *.**
CE QCSQVIDLSYQALSSVPNESRVHMQIGSCHAKHSNFTAENHIKSAIDLNPTSVLFHANL
HP AVLYHRWGHLDLAKKHYEISLQLDPTASGTKENYGLLRKLELMQKKAV
...*. * .. . *...* * *.**... .*. * *
CE GILYQRMSRHKAEASQYRIVLALDSKNIVAKQNLQKLEEHNCYNSTLP

```

【0042】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA450191）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0043】

<HP10635>（配列番号 5、15、25）

ヒトレチノブラストーマ細胞株 WERI-RB cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10635 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、65bp の 5' 非翻訳領域、282bp の ORF、111bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 93 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2 箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図 5 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 9,489 とほぼ同じ 10kDa の翻訳産物が生成した。

【0044】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST

Tの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA516481）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0045】

<HP10636>（配列番号6、16、26）

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10636のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、179bpの5' 非翻訳領域、1278bpのORF、255bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは425アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、10個の推定膜貫通ドメインが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0046】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号Z43270）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0047】

<HP10640>（配列番号7、17、27）

ヒトレチノブラストーマ細胞株WERI-RB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10640のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、52bpの5' 非翻訳領域、450bpのORF、553bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは149アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、少なくとも2箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図7にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量16,829とほぼ同じ17kDaの翻訳産物が生成した。

【0048】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、

シロイナズナ仮想蛋白質F27F23.14 (GenBankアクセション番号AC003058)と類似性を有していた。表6に、本発明のヒト蛋白質(HP)とシロイナズナ仮想蛋白質F27F23.14(AT)のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側を除く全領域にわたって、46.5%の相同性を有していた。

【 0 0 4 9 】

【表 6】

表 6

```

HP                               METLYRVFPFLVLECPNLKLLKPPWLMHMPsAMTVYA
                                     ***  *  *.*.** *.  .  .**.*****
AT MAPRSDSQTGSSVSDGSDQSSMDPIFHLLRIVPFSFLRPPRLRLKIPS-FTLPSpMTVYA
HP LVVVSyFLITGGIIYDVIVEPPSVGSMTD-EHGHQRPVAFLAYRVNGQYIMEGLASSFLF
                                     *....***...*..*****...**  *  *  ***.*.. *****.***.*.*.*
AT LILLTYFLVVSgFVYDVIVEPPGIGSTQDPTTGTIRPVVFMSGRVNGQYIIeGLSSGFMF
HP TMGGLGFIIldRSNAPNIPKLNRFLLFIgFVCVLLSFFMARVFMRMKLPgYLMG
                                     ..**.*...**  .  .  *  .*  .  *  ..... *...*.*.*.****
AT VLGGIGIVMLDLALDKNKAKSVKASYAVAGVSSIVIAyVMSMLFIRIKIPgLY

```

【 0 0 5 0 】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号N34717）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0051】

<HP 10644> (配列番号 8、18、28)

ヒトレチノブラストーマ細胞株WERI-RB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10644のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、221bpの5' 非翻訳領域、1191bpのORF、204bpの3' 非

翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは396アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。

【0052】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質B0511.8 (GenBankアクセション番号AF067608) と類似性を有していた。表7に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と線虫仮想蛋白質B0511.8 (CE) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側とC末端側を除く361アミノ酸残基の領域において、31.3%の相同性を有していた。

【0053】

【表7】

表7

HS	MAMIELGFGGRQNFHPLKRKSSLLKL
CE	CDKNGQYLSVQEEIDAENKVQRKIAPGLNEKVLERTVQMLMKQEKSTETYMIWLKNLRVP
HS	IAVVFVALLFCEFLIYYLAIFQCNWPEVKTTASDGEQTTREPVLKAMFLADTHLLGEFLG
	* *..*...*. ** *. **.....*****. *
CE	ILLAIILVVYNEYFIFFIASFSCQWP-----CKYGRCS-ESSVKAFMISDTHLLGKING
HS	HWLDKLRREWQMERAFQTALWLLQPEVVFILGDI FDEGKWSTPEAWADDVERFQKMFRHP
	*****.***** ..* .. *. **..*...*.*****. **..*.*
CE	HWLDKLRREWQMYQSFWISTWIHSPDVTFFLGDLMDGKWAGRPVFEAYAERFKKLF--G
HS	SHVQLKVVAGNHDIGFHYEMNTYKVERFEKVFSSERLFSWKGINFVMVNSVALNGDGCGI
 *****.*****. *. *.. *. ..*
CE	DNEKVITLAGNHDLGPHYAL----VQTFATHLTPT--VELKNYLLIMPETLEMFKEFR
HS	CSETEAELIEVSHRLNCSREARG-SSR-CGPGPL-----LPTSAPVLLQHYPLYRRS
	.* * *..* ..* * . * *..*...*.*****.*
CE	GLIDEMKIKKHRFVLINSMAMHGDGCRLCHEAELILEKIKSRNPKNRPVLQHFPLYRKS

HS DANCSGEDAAPAEERDIPFKENYDVLVSREASQKLLWWLQPRLVLSGHTHSAC-----EVH

. *.... . . .*..*. . . *. *.****. * ..

CE DAECDQVDEQHEIDLKEMYREQWDTLSKESLQIIDSLNPKAVFGGHTHKMCKKKWNKTG

HS HGGRVPELSVPSFSWRNRNNSPFIMGSITPTDYTLSCYLPREDVVLIIYC-GVVGFLVV

... *.* ****. *. . . *.**.*.* *.*.*.

CE NSEYFYEYTVNSFSWRNGDVPAMLLVVIDGDNVLVSSCRLPSEILQIMVYIFGGIGILAK

HS LTLTHFGLLASPFLSGLNLLGKRKTR

CE MYNDLITPALEWNVNNIAVCTAILVMIINVVALIFTIFWCLRSKDEGGEIDSNGVVIN

【0054】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号R88381）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0055】

<HP10656>（配列番号9、19、29）

ヒトリンホーマ細胞株U937cDNAライブラリーから得られたクローンHP10656のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、68bpの5' 非翻訳領域、1053bpのORF、739bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは350アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量40,043とほぼ同じ41kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、糖鎖が付加されたと考えられる54kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が4箇所（148番目Asn-Cys-Thr、155番目Asn-Tyr-Thr、162番目Asn-Gln-Thr、190番目Asn-Lys-Ser）存在する。

【0056】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA917816）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0057】

<HP10672>（配列番号10、20、30）

ヒト胸腺cDNAライブラリーから得られたクローンHP10672のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、244bpの5'非翻訳領域、462bpのORF、77bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは153アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが、またC末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。COS細胞による発現の結果、膜画分に17kDaの産物が見いだされた。

【0058】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号N48700）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0059】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることが

できる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0060】

【配列表】

<110> Sagami Chemical Research Center,
Protegene Inc.

<120> Human proteins having hydrophobic domains and DNAs encoding these proteins

<130> S018194

<160> 30

【0061】

<210> 1

<211> 392

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 1

Met Glu Gly Val Ser Ala Leu Leu Ala Arg Cys Pro Thr Ala Gly Leu

1 5 10 15

Ala Gly Gly Leu Gly Val Thr Ala Cys Ala Ala Ala Gly Val Leu Leu

20 25 30

Tyr Arg Ile Ala Arg Arg Met Lys Pro Thr His Thr Met Val Asn Cys

35 40 45

Trp Phe Cys Asn Gln Asp Thr Leu Val Pro Tyr Gly Asn Arg Asn Cys

50 55 60

Trp Asp Cys Pro His Cys Glu Gln Tyr Asn Gly Phe Gln Glu Asn Gly

65 70 75 80

Asp Tyr Asn Lys Pro Ile Pro Ala Gln Tyr Leu Glu His Leu Asn His

	85	90	95
Val Val Ser Ser Ala Pro Ser Leu Arg Asp Pro Ser Gln Pro Gln Gln			
100	105	110	
Trp Val Ser Ser Gln Val Leu Leu Cys Lys Arg Cys Asn His His Gln			
115	120	125	
Thr Thr Lys Ile Lys Gln Leu Ala Ala Phe Ala Pro Arg Glu Glu Gly			
130	135	140	
Arg Tyr Asp Glu Glu Val Glu Val Tyr Arg His His Leu Glu Gln Met			
145	150	155	160
Tyr Lys Leu Cys Arg Pro Cys Gln Ala Ala Val Glu Tyr Tyr Ile Lys			
165	170	175	
His Gln Asn Arg Gln Leu Arg Ala Leu Leu Leu Ser His Gln Phe Lys			
180	185	190	
Arg Arg Glu Ala Asp Gln Thr His Ala Gln Asn Phe Ser Ser Ala Val			
195	200	205	
Lys Ser Pro Val Gln Val Ile Leu Leu Arg Ala Leu Ala Phe Leu Ala			
210	215	220	
Cys Ala Phe Leu Leu Thr Thr Ala Leu Tyr Gly Ala Ser Gly His Phe			
225	230	235	240
Ala Pro Gly Thr Thr Val Pro Leu Ala Leu Pro Pro Gly Gly Asn Gly			
245	250	255	
Ser Ala Thr Pro Asp Asn Gly Thr Thr Pro Gly Ala Glu Gly Trp Arg			
260	265	270	
Gln Leu Leu Gly Leu Leu Pro Glu His Met Ala Glu Lys Leu Cys Glu			
275	280	285	
Ala Trp Ala Phe Gly Gln Ser His Gln Thr Gly Val Val Ala Leu Gly			
290	295	300	
Leu Leu Thr Cys Leu Leu Ala Met Leu Leu Ala Gly Arg Ile Arg Leu			
305	310	315	320

Arg Arg Ile Asp Ala Phe Cys Thr Cys Leu Trp Ala Leu Leu Leu Gly

325

330

335

Leu His Leu Ala Glu Gln His Leu Gln Ala Ala Ser Pro Ser Trp Leu

340

345

350

Asp Thr Leu Lys Phe Ser Thr Thr Ser Leu Cys Cys Leu Val Gly Phe

355

360

365

Thr Ala Ala Val Ala Thr Arg Lys Ala Thr Gly Pro Arg Arg Phe Arg

370

375

380

Pro Arg Arg Ser Glu Lys Gln Pro

385

390

[0 0 6 2]

<210> 2

<211> 497

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 2

Met Ala Leu Trp Arg Gly Ser Ala Tyr Ala Gly Phe Leu Ala Leu Ala

1

5

10

15

Val Gly Cys Val Phe Leu Leu Glu Pro Glu Leu Pro Gly Ser Ala Leu

20

25

30

Arg Ser Leu Trp Ser Ser Leu Cys Leu Gly Pro Ala Pro Ala Pro Pro

35

40

45

Gly Pro Val Ser Pro Glu Gly Arg Leu Ala Ala Ala Trp Asp Ala Leu

50

55

60

Ile Val Arg Pro Val Arg Arg Trp Arg Arg Val Ala Val Gly Val Asn

65

70

75

80

Ala Cys Val Asp Val Val Leu Ser Gly Val Lys Leu Leu Gln Ala Leu

85

90

95

Gly Leu Ser Pro Gly Asn Gly Lys Asp His Ser Ile Leu His Ser Arg

100	105	110	
Asn Asp Leu Glu Glu Ala Phe Ile His Phe Met Trp Lys Gly Ala Ala			
115	120	125	
Ala Glu Arg Phe Phe Ser Asp Lys Glu Thr Phe His Asp Ile Ala Gln			
130	135	140	
Val Ala Ser Glu Phe Pro Gly Ala Gln His Tyr Val Gly Gly Asn Ala			
145	150	155	160
Ala Leu Ile Gly Gln Lys Phe Ala Ala Asn Ser Asp Leu Lys Val Leu			
165	170	175	
Leu Cys Gly Pro Val Gly Pro Arg Leu His Glu Leu Leu Asp Asp Asn			
180	185	190	
Val Phe Val Pro Pro Glu Ser Leu Gln Glu Val Asp Glu Phe His Leu			
195	200	205	
Ile Leu Glu Tyr Gln Ala Gly Glu Glu Trp Gly Gln Leu Lys Ala Pro			
210	215	220	
His Ala Asn Arg Phe Ile Phe Ser His Asp Leu Ser Asn Gly Ala Met			
225	230	235	240
Asn Met Leu Glu Val Phe Val Ser Ser Leu Glu Glu Phe Gln Pro Asp			
245	250	255	
Leu Val Val Leu Ser Gly Leu His Met Met Glu Gly Gln Ser Lys Glu			
260	265	270	
Leu Gln Arg Lys Arg Leu Leu Glu Val Val Thr Ser Ile Ser Asp Ile			
275	280	285	
Pro Thr Gly Ile Pro Val His Leu Glu Leu Ala Ser Met Thr Asn Arg			
290	295	300	
Glu Leu Met Ser Ser Ile Val His Gln Gln Val Phe Pro Ala Val Thr			
305	310	315	320
Ser Leu Gly Leu Asn Glu Gln Glu Leu Leu Phe Leu Thr Gln Ser Ala			
325	330	335	

Ser Gly Pro His Ser Ser Leu Ser Ser Trp Asn Gly Val Pro Asp Val
 340 345 350
 Gly Met Val Ser Asp Ile Leu Phe Trp Ile Leu Lys Glu His Gly Arg
 355 360 365
 Ser Lys Ser Arg Ala Ser Asp Leu Thr Arg Ile His Phe His Thr Leu
 370 375 380
 Val Tyr His Ile Leu Ala Thr Val Asp Gly His Trp Ala Asn Gln Leu
 385 390 395 400
 Ala Ala Val Ala Ala Gly Ala Arg Val Ala Gly Thr Gln Ala Cys Ala
 405 410 415
 Thr Glu Thr Ile Asp Thr Ser Arg Val Ser Leu Arg Ala Pro Gln Glu
 420 425 430
 Phe Met Thr Ser His Ser Glu Ala Gly Ser Arg Ile Val Leu Asn Pro
 435 440 445
 Asn Lys Pro Val Val Glu Trp His Arg Glu Gly Ile Ser Phe His Phe
 450 455 460
 Thr Pro Val Leu Val Cys Lys Asp Pro Ile Arg Thr Val Gly Leu Gly
 465 470 475 480
 Asp Ala Ile Ser Ala Glu Gly Leu Phe Tyr Ser Glu Val His Pro His
 485 490 495

Tyr

[0 0 6 3]

<210> 3

<211> 417

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 3

Met Leu Val His Leu Phe Arg Val Gly Ile Arg Gly Gly Pro Phe Pro

1

5

10

15

Gly Arg Leu Leu Pro Pro Leu Arg Phe Gln Thr Phe Ser Ala Val Arg
 20 25 30
 Tyr Ser Asp Gly Tyr Arg Ser Ser Ser Leu Leu Arg Ala Val Ala His
 35 40 45
 Leu Arg Ser Gln Leu Trp Ala His Leu Pro Arg Ala Pro Leu Ala Pro
 50 55 60
 Arg Trp Ser Pro Ser Ala Trp Cys Trp Val Gly Gly Ala Leu Leu Gly
 65 70 75 80
 Pro Met Val Leu Ser Lys His Pro His Leu Cys Leu Val Ala Leu Cys
 85 90 95
 Glu Ala Glu Glu Ala Pro Pro Ala Ser Ser Thr Pro His Val Val Gly
 100 105 110
 Ser Arg Phe Asn Trp Lys Leu Phe Trp Gln Phe Leu His Pro His Leu
 115 120 125
 Leu Val Leu Gly Val Ala Val Val Leu Ala Leu Gly Ala Ala Leu Val
 130 135 140
 Asn Val Gln Ile Pro Leu Leu Leu Gly Gln Leu Val Glu Val Val Ala
 145 150 155 160
 Lys Tyr Thr Arg Asp His Val Gly Ser Phe Met Thr Glu Ser Gln Asn
 165 170 175
 Leu Ser Thr His Leu Leu Ile Leu Tyr Gly Val Gln Gly Leu Leu Thr
 180 185 190
 Phe Gly Tyr Leu Val Leu Leu Ser His Val Gly Glu Arg Met Ala Val
 195 200 205
 Asp Met Arg Arg Ala Leu Phe Ser Ser Leu Leu Arg Tyr Cys Gln Pro
 210 215 220
 Gln Gly Ala Glu Leu Gly Gln Asp Ile Thr Phe Phe Asp Ala Asn Lys
 225 230 235 240
 Thr Gly Gln Leu Val Ser Arg Leu Thr Thr Asp Val Gln Glu Phe Lys

245	250	255	
Ser Ser Phe Lys Leu Val Ile Ser Gln Gly Leu Arg Ser Cys Thr Gln			
260	265	270	
Val Ala Gly Cys Leu Val Ser Leu Ser Met Leu Ser Thr Arg Leu Thr			
275	280	285	
Leu Leu Leu Met Val Ala Thr Pro Ala Leu Met Gly Val Gly Thr Leu			
290	295	300	
Met Gly Ser Gly Leu Arg Lys Leu Ser Cys Gln Cys Gln Glu Gln Ile			
305	310	315	320
Ala Arg Ala Met Gly Val Ala Asp Glu Ala Leu Gly Asn Val Arg Thr			
325	330	335	
Val Arg Ala Phe Ala Met Glu Gln Arg Glu Glu Glu Arg Tyr Gly Ala			
340	345	350	
Glu Leu Glu Ala Cys Arg Cys Arg Ala Glu Glu Leu Gly Arg Gly Ile			
355	360	365	
Ala Leu Phe Gln Gly Leu Ser Asn Ile Ala Phe Asn Cys Met Val Leu			
370	375	380	
Gly Thr Leu Phe Ile Gly Gly Ser Leu Val Ala Gly Gln Gln Leu Thr			
385	390	395	400
Gly Gly Asp Leu Met Ser Phe Leu Val Ala Ser Gln Thr Val Gln Arg			
405	410	415	

Leu

【 0 0 6 4 】

<210> 4

<211> 649

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 4

Met Ile Pro Asn Gln His Asn Ala Gly Ala Gly Ser His Gln Pro Ala

1	5	10	15
Val Phe Arg Met Ala Val Leu Asp Thr Asp Leu Asp His Ile Leu Pro			
20	25	30	
Ser Ser Val Leu Pro Pro Phe Trp Ala Lys Leu Val Val Gly Ser Val			
35	40	45	
Ala Ile Val Cys Phe Ala Arg Ser Tyr Asp Gly Asp Phe Val Phe Asp			
50	55	60	
Asp Ser Glu Ala Ile Val Asn Asn Lys Val Ala Gly Val Val Gly Arg			
65	70	75	80
Ala Asp Leu Leu Cys Ala Leu Phe Phe Leu Leu Ser Phe Leu Gly Tyr			
85	90	95	
Cys Lys Ala Phe Arg Glu Ser Asn Lys Glu Gly Ala His Ser Ser Thr			
100	105	110	
Phe Trp Val Leu Leu Ser Ile Phe Leu Gly Ala Val Ala Met Leu Cys			
115	120	125	
Lys Glu Gln Gly Ile Thr Val Leu Gly Leu Asn Ala Val Phe Asp Ile			
130	135	140	
Leu Val Ile Gly Lys Phe Asn Val Leu Glu Ile Val Gln Lys Val Leu			
145	150	155	160
His Lys Asp Lys Ser Leu Glu Asn Leu Gly Met Leu Arg Asn Gly Gly			
165	170	175	
Leu Leu Phe Arg Met Thr Leu Leu Thr Ser Gly Gly Ala Gly Met Leu			
180	185	190	
Tyr Val Arg Trp Arg Ile Met Gly Thr Gly Pro Pro Ala Phe Thr Glu			
195	200	205	
Val Asp Asn Pro Ala Ser Phe Ala Asp Ser Met Leu Val Arg Ala Val			
210	215	220	
Asn Tyr Asn Tyr Tyr Tyr Ser Leu Asn Ala Trp Leu Leu Leu Cys Pro			
225	230	235	240

Trp Trp Leu Cys Phe Asp Trp Ser Met Gly Cys Ile Pro Leu Ile Lys			
245	250	255	
Ser Ile Ser Asp Trp Arg Val Ile Ala Leu Ala Ala Leu Trp Phe Cys			
260	265	270	
Leu Ile Gly Leu Ile Cys Gln Ala Leu Cys Ser Glu Asp Gly His Lys			
275	280	285	
Arg Arg Ile Leu Thr Leu Gly Leu Gly Phe Leu Val Ile Pro Phe Leu			
290	295	300	
Pro Ala Ser Asn Leu Phe Phe Arg Val Gly Phe Val Val Ala Glu Arg			
305	310	315	320
Val Leu Tyr Leu Pro Ser Ile Gly Tyr Cys Val Leu Leu Thr Phe Gly			
325	330	335	
Phe Gly Ala Leu Ser Lys His Thr Lys Lys Lys Lys Leu Ile Ala Ala			
340	345	350	
Val Val Leu Gly Ile Leu Phe Ile Asn Thr Leu Arg Cys Val Leu Arg			
355	360	365	
Ser Gly Glu Trp Arg Ser Glu Glu Gln Leu Phe Arg Ser Ala Leu Ser			
370	375	380	
Val Cys Pro Leu Asn Ala Lys Val His Tyr Asn Ile Gly Lys Asn Leu			
385	390	395	400
Ala Asp Lys Gly Asn Gln Thr Ala Ala Ile Arg Tyr Tyr Arg Glu Ala			
405	410	415	
Val Arg Leu Asn Pro Lys Tyr Val His Ala Met Asn Asn Leu Gly Asn			
420	425	430	
Ile Leu Lys Glu Arg Asn Glu Leu Gln Glu Ala Glu Glu Leu Leu Ser			
435	440	445	
Leu Ala Val Gln Ile Gln Pro Asp Phe Ala Ala Ala Trp Met Asn Leu			
450	455	460	
Gly Ile Val Gln Asn Ser Leu Lys Arg Phe Glu Ala Ala Glu Gln Ser			

465	470	475	480
Tyr Arg Thr Ala Ile Lys His Arg Arg Lys Tyr Pro Asp Cys Tyr Tyr			
485	490	495	
Asn Leu Gly Arg Leu Tyr Ala Asp Leu Asn Arg His Val Asp Ala Leu			
500	505	510	
Asn Ala Trp Arg Asn Ala Thr Val Leu Lys Pro Glu His Ser Leu Ala			
515	520	525	
Trp Asn Asn Met Ile Ile Leu Leu Asp Asn Thr Gly Asn Leu Ala Gln			
530	535	540	
Ala Glu Ala Val Gly Arg Glu Ala Leu Glu Leu Ile Pro Asn Asp His			
545	550	555	560
Ser Leu Met Phe Ser Leu Ala Asn Val Leu Gly Lys Ser Gln Lys Tyr			
565	570	575	
Lys Glu Ser Glu Ala Leu Phe Leu Lys Ala Ile Lys Ala Asn Pro Asn			
580	585	590	
Ala Ala Ser Tyr His Gly Asn Leu Ala Val Leu Tyr His Arg Trp Gly			
595	600	605	
His Leu Asp Leu Ala Lys Lys His Tyr Glu Ile Ser Leu Gln Leu Asp			
610	615	620	
Pro Thr Ala Ser Gly Thr Lys Glu Asn Tyr Gly Leu Leu Arg Arg Lys			
625	630	635	640
Leu Glu Leu Met Gln Lys Lys Ala Val			
645			

【 0 0 6 5 】

<210> 5

<211> 93

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 5

Met Ile His Leu Gly His Ile Leu Phe Leu Leu Leu Leu Pro Val Ala

1 5 10 15

Ala Ala Gln Thr Thr Pro Gly Glu Arg Ser Ser Leu Pro Ala Phe Tyr

20 25 30

Pro Gly Thr Ser Gly Ser Cys Ser Gly Cys Gly Ser Leu Ser Leu Pro

35 40 45

Leu Leu Ala Gly Leu Val Ala Ala Asp Ala Val Ala Ser Leu Leu Ile

50 55 60

Val Gly Ala Val Phe Leu Cys Ala Arg Pro Arg Arg Ser Pro Ala Gln

65 70 75 80

Glu Asp Gly Lys Val Tyr Ile Asn Met Pro Gly Arg Gly

85 90

【0 0 6 6】

<210> 6

<211> 425

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 6

Met Gly Ser Trp Ala Ala Val Asn Gly Ile Trp Val Glu Leu Pro Val

1 5 10 15

Val Val Lys Glu Leu Pro Glu Gly Trp Ser Leu Pro Ser Tyr Val Ser

20 25 30

Val Leu Val Ala Leu Gly Asn Leu Gly Leu Leu Val Val Thr Leu Trp

35 40 45

Arg Arg Leu Ala Pro Gly Lys Asp Glu Gln Val Pro Ile Arg Val Val

50 55 60

Gln Val Leu Gly Met Val Gly Thr Ala Leu Leu Ala Ser Leu Trp His

65 70 75 80

His Val Ala Pro Val Ala Gly Gln Leu His Ser Val Ala Phe Leu Ala

	85	90	95
Leu Ala Phe Val Leu Ala Leu Ala Cys Cys Ala Ser Asn Val Thr Phe			
100	105	110	
Leu Pro Phe Leu Ser His Leu Pro Pro Arg Phe Leu Arg Ser Phe Phe			
115	120	125	
Leu Gly Gln Gly Leu Ser Ala Leu Leu Pro Cys Val Leu Ala Leu Val			
130	135	140	
Gln Gly Val Gly Arg Leu Glu Cys Pro Pro Ala Pro Ile Asn Gly Thr			
145	150	155	160
Pro Gly Pro Pro Leu Asp Phe Leu Glu Arg Phe Pro Ala Ser Thr Phe			
165	170	175	
Phe Trp Ala Leu Thr Ala Leu Leu Val Ala Ser Ala Ala Ala Phe Gln			
180	185	190	
Gly Leu Leu Leu Leu Leu Pro Pro Pro Pro Ser Val Pro Thr Gly Glu			
195	200	205	
Leu Gly Ser Gly Leu Gln Val Gly Ala Pro Gly Ala Glu Glu Glu Val			
210	215	220	
Glu Glu Ser Ser Pro Leu Gln Glu Pro Pro Ser Gln Ala Ala Gly Thr			
225	230	235	240
Thr Pro Gly Pro Asp Pro Lys Ala Tyr Gln Leu Leu Ser Ala Arg Ser			
245	250	255	
Ala Cys Leu Leu Gly Leu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Leu Thr Asn Gly			
260	265	270	
Val Leu Pro Ala Val Gln Ser Phe Ser Cys Leu Pro Tyr Gly Arg Leu			
275	280	285	
Ala Tyr His Leu Ala Val Val Leu Gly Ser Ala Ala Asn Pro Leu Ala			
290	295	300	
Cys Phe Leu Ala Met Gly Val Leu Cys Arg Ser Leu Ala Gly Leu Gly			
305	310	315	320

Gly Leu Ser Leu Leu Gly Val Phe Cys Gly Gly Tyr Leu Met Ala Leu

325

330

335

Ala Val Leu Ser Pro Cys Pro Pro Leu Val Gly Thr Ser Ala Gly Val

340

345

350

Val Leu Val Val Leu Ser Trp Val Leu Cys Leu Gly Val Phe Ser Tyr

355

360

365

Val Lys Val Ala Ala Ser Ser Leu Leu His Gly Gly Gly Arg Pro Ala

370

375

380

Leu Leu Ala Ala Gly Val Ala Ile Gln Val Gly Ser Leu Leu Gly Ala

385

390

395

400

Val Ala Met Phe Pro Pro Thr Ser Ile Tyr His Val Phe His Ser Arg

405

410

415

Lys Asp Cys Ala Asp Pro Cys Asp Ser

420

425

【 0 0 6 7 】

<210> 7

<211> 149

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 7

Met Glu Thr Leu Tyr Arg Val Pro Phe Leu Val Leu Glu Cys Pro Asn

1

5

10

15

Leu Lys Leu Lys Lys Pro Pro Trp Leu His Met Pro Ser Ala Met Thr

20

25

30

Val Tyr Ala Leu Val Val Val Ser Tyr Phe Leu Ile Thr Gly Gly Ile

35

40

45

Ile Tyr Asp Val Ile Val Glu Pro Pro Ser Val Gly Ser Met Thr Asp

50

55

60

Glu His Gly His Gln Arg Pro Val Ala Phe Leu Ala Tyr Arg Val Asn

65	70	75	80
Gly Gln Tyr Ile Met Glu Gly Leu Ala Ser Ser Phe Leu Phe Thr Met			
85	90	95	
Gly Gly Leu Gly Phe Ile Ile Leu Asp Arg Ser Asn Ala Pro Asn Ile			
100	105	110	
Pro Lys Leu Asn Arg Phe Leu Leu Leu Phe Ile Gly Phe Val Cys Val			
115	120	125	
Leu Leu Ser Phe Phe Met Ala Arg Val Phe Met Arg Met Lys Leu Pro			
130	135	140	
Gly Tyr Leu Met Gly			
145			
【 0 0 6 8 】			
<210> 8			
<211> 396			
<212> PRT			
<213> Homo sapience			
<400> 8			
Met Ala Met Ile Glu Leu Gly Phe Gly Arg Gln Asn Phe His Pro Leu			
1	5	10	15
Lys Arg Lys Ser Ser Leu Leu Leu Lys Leu Ile Ala Val Val Phe Ala			
20	25	30	
Val Leu Leu Phe Cys Glu Phe Leu Ile Tyr Tyr Leu Ala Ile Phe Gln			
35	40	45	
Cys Asn Trp Pro Glu Val Lys Thr Thr Ala Ser Asp Gly Glu Gln Thr			
50	55	60	
Thr Arg Glu Pro Val Leu Lys Ala Met Phe Leu Ala Asp Thr His Leu			
65	70	75	80
Leu Gly Glu Phe Leu Gly His Trp Leu Asp Lys Leu Arg Arg Glu Trp			
85	90	95	

Gln Met Glu Arg Ala Phe Gln Thr Ala Leu Trp Leu Leu Gln Pro Glu			
100	105	110	
Val Val Phe Ile Leu Gly Asp Ile Phe Asp Glu Gly Lys Trp Ser Thr			
115	120	125	
Pro Glu Ala Trp Ala Asp Asp Val Glu Arg Phe Gln Lys Met Phe Arg			
130	135	140	
His Pro Ser His Val Gln Leu Lys Val Val Ala Gly Asn His Asp Ile			
145	150	155	160
Gly Phe His Tyr Glu Met Asn Thr Tyr Lys Val Glu Arg Phe Glu Lys			
165	170	175	
Val Phe Ser Ser Glu Arg Leu Phe Ser Trp Lys Gly Ile Asn Phe Val			
180	185	190	
Met Val Asn Ser Val Ala Leu Asn Gly Asp Gly Cys Gly Ile Cys Ser			
195	200	205	
Glu Thr Glu Ala Glu Leu Ile Glu Val Ser His Arg Leu Asn Cys Ser			
210	215	220	
Arg Glu Ala Arg Gly Ser Ser Arg Cys Gly Pro Gly Pro Leu Leu Pro			
225	230	235	240
Thr Ser Ala Pro Val Leu Leu Gln His Tyr Pro Leu Tyr Arg Arg Ser			
245	250	255	
Asp Ala Asn Cys Ser Gly Glu Asp Ala Ala Pro Ala Glu Glu Arg Asp			
260	265	270	
Ile Pro Phe Lys Glu Asn Tyr Asp Val Leu Ser Arg Glu Ala Ser Gln			
275	280	285	
Lys Leu Leu Trp Trp Leu Gln Pro Arg Leu Val Leu Ser Gly His Thr			
290	295	300	
His Ser Ala Cys Glu Val His His Gly Gly Arg Val Pro Glu Leu Ser			
305	310	315	320
Val Pro Ser Phe Ser Trp Arg Asn Arg Asn Asn Pro Ser Phe Ile Met			

325	330	335
Gly Ser Ile Thr Pro Thr Asp Tyr Thr Leu Ser Lys Cys Tyr Leu Pro		
340	345	350
Arg Glu Asp Val Val Leu Ile Ile Tyr Cys Gly Val Val Gly Phe Leu		
355	360	365
Val Val Leu Thr Leu Thr His Phe Gly Leu Leu Ala Ser Pro Phe Leu		
370	375	380
Ser Gly Leu Asn Leu Leu Gly Lys Arg Lys Thr Arg		
385	390	395
[0 0 6 9]		
<210> 9		
<211> 350		
<212> PRT		
<213> Homo sapience		
<400> 9		
Met Ile Arg Gln Glu Arg Ser Thr Ser Tyr Gln Glu Leu Ser Glu Glu		
1	5	10 15
Leu Val Gln Val Val Glu Asn Ser Glu Leu Ala Asp Glu Gln Asp Lys		
20	25	30
Glu Thr Val Arg Val Gln Gly Pro Gly Ile Leu Pro Gly Leu Asp Ser		
35	40	45
Glu Ser Ala Ser Ser Ser Ile Arg Phe Ser Lys Ala Cys Leu Lys Asn		
50	55	60
Val Phe Ser Val Leu Leu Ile Phe Ile Tyr Leu Leu Leu Met Ala Val		
65	70	75 80
Ala Val Phe Leu Val Tyr Arg Thr Ile Thr Asp Phe Arg Glu Lys Leu		
85	90	95
Lys His Pro Val Met Ser Val Ser Tyr Lys Glu Val Asp Arg Tyr Asp		
100	105	110

Ala Pro Gly Ile Ala Leu Tyr Pro Gly Gln Ala Gln Leu Leu Ser Cys			
115	120	125	
Lys His His Tyr Glu Val Ile Pro Pro Leu Thr Ser Pro Gly Gln Pro			
130	135	140	
Gly Asp Met Asn Cys Thr Thr Gln Arg Ile Asn Tyr Thr Asp Pro Phe			
145	150	155	160
Ser Asn Gln Thr Val Lys Ser Ala Leu Ile Val Gln Gly Pro Arg Glu			
165	170	175	
Val Lys Lys Arg Glu Leu Val Phe Leu Gln Phe Arg Leu Asn Lys Ser			
180	185	190	
Ser Glu Asp Phe Ser Ala Ile Asp Tyr Leu Leu Phe Ser Ser Phe Gln			
195	200	205	
Glu Phe Leu Gln Ser Pro Asn Arg Val Gly Phe Met Gln Ala Cys Glu			
210	215	220	
Ser Ala Tyr Ser Ser Trp Lys Phe Ser Gly Gly Phe Arg Thr Trp Val			
225	230	235	240
Lys Met Ser Leu Val Lys Thr Lys Glu Glu Asp Gly Arg Glu Ala Val			
245	250	255	
Glu Phe Arg Gln Glu Thr Ser Val Val Asn Tyr Ile Asp Gln Arg Pro			
260	265	270	
Ala Ala Lys Lys Ser Ala Gln Leu Phe Phe Val Val Phe Glu Trp Lys			
275	280	285	
Asp Pro Phe Ile Gln Lys Val Gln Asp Ile Val Thr Ala Asn Pro Trp			
290	295	300	
Asn Thr Ile Ala Leu Leu Cys Gly Ala Phe Leu Ala Leu Phe Lys Ala			
305	310	315	320
Ala Glu Phe Ala Lys Leu Ser Ile Lys Trp Met Ile Lys Ile Arg Lys			
325	330	335	
Arg Tyr Leu Lys Arg Arg Gly Gln Ala Thr Ser His Ile Ser			

340

345

350

【0070】

<210> 10

<211> 153

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 10

Met Thr Ile His Ile Leu Ile Leu Leu Leu Leu Ala Phe Ser Ala

1

5

10

15

Gln Gly Asp Leu Asp Thr Ala Ala Arg Arg Gly Gln His Gln Val Pro

20

25

30

Gln His Arg Gly His Val Cys Tyr Leu Gly Val Cys Arg Thr His Arg

35

40

45

Leu Ala Glu Ile Ile Tyr Trp Ile Arg Cys Leu His Gln Gly Ala Leu

50

55

60

Gly Glu Gly Gln Pro Arg Ala Pro Gly Pro Leu Gln Leu Trp Ala Pro

65

70

75

80

Pro Val Ala Arg Gly Gly Ser Pro Ala Arg Phe Pro Gly Phe Arg Pro

85

90

95

Ala Ala Arg Gly Leu Ala Gln Cys Pro Ala Arg Trp Val Thr Ser Gly

100

105

110

Thr Ala Arg Pro Leu Leu Gly Phe Ser Leu Pro Ile Cys Met Leu Glu

115

120

125

Leu Leu Leu His Ile Ser Ser Pro Leu Thr Pro Ala Pro Glu Thr Val

130

135

140

Phe Pro Ser Pro Ser Pro Gly Cys Asp

145

150

【0071】

<210> 11

<211> 1176

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 11

atggagggag tgagcgcgct gctggcccgc tgccccacgg ccggcctggc cggcggcctg	60
ggggtcacgg cgtgcgccgc ggccggcggtg ttgctctacc ggatcgcgcg gaggatgaag	120
ccaacgcaca cgatgggtcaa ctgctgggtt tgcaaccagg atacgctggg gccctatggg	180
aaccgcaact gctgggactg tccccactgc gagcagtaca acggcttcca ggagaacggc	240
gactacaaca agccgatccc cgcccagttc ttggagcacc tgaaccacgt ggtgagcagc	300
gcgcccagcc tgcgcgaccc ttgcgagccg cagcagtggg tgagcagcca agtcctgctg	360
tgcaagaggt gcaaccacca ccagaccacc aagatcaagc agctggccgc ctgcgtcccc	420
cgcgaggagg gcaggtatga cgaggagggtc gaggtgtacc ggcatcacct ggagcagatg	480
tacaagctgt gccggccgtg ccaagcggct gtggagtact acatcaagca ccagaaccgc	540
cagctgcgcg ccctgttgct cagccaccag ttcaagcgcc gggaggccga ccagaccac	600
gcacagaact tctctccgc cgtgaagtcc ccggtccagg tcatcctgct ccgtgccctc	660
gccttccctg cctgcgcctt cctactgacc accgcgtgt atggggccag cggacacttc	720
gccccaggca ccactgtgcc cctggccctg ccacctgggt gcaatggctc agccacacct	780
gacaatggca ccacccctgg ggccgagggc tggcggcagt tgctgggcct actccccgag	840
cacatggcgg agaagctgtg tgaggcctgg gcctttgggc agagccacca gacgggcgtc	900
gtggcactgg gcctactcac ctgcctgctg gcaatgctgc tggctggccg catcaggctc	960
cggaggatcg atgccttctg cacctgcctg tgggcctgc tgctggggct gcacctggct	1020
gagcagcacc tgcaggccgc ctgcctagc tggctagaca cgctcaagtt cagcaccaca	1080
tctttgtgct gccctgttgg ctccacggcg gctgtggcca caaggaaggc aacgggcccc	1140
cggaggttcc ggccccgaag gtcagagaag cagcca	1176

<210> 12

<211> 1491

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 12

atggcgctgt ggcgcggtc cgcgtacgcg ggcttcctgg cgctggccgt gggctgcgtc	60
ttcctgctgg agccagagct gccaggctcg gcgctgcgt ctctctggag ctgcgtgtgt	120
ctggggcccc cgcttgcgcc cccgggaccc gtctcccccg agggccggtt ggcggcagcc	180
tgggacgcgc ttatcgtgcg gccagtccgg cgctggcgcc gcgtggcagt gggagtcaat	240
gcatgtgttg atgtgtgtct ctgaggggtg aagctcttgc aggcacttgg ccttagtcct	300
gggaatggga aagatcacag cattctgcat tcaaggaatg atctggaaga agccttcatt	360
cacttcatgt ggaaggagc agctgctgag cgcttcttca gtgataagga aacttttcac	420
gacattgccc aggttgcgtc agagttccca ggagcccagc actatgtagg aggaaatgca	480
gctttaattg gacagaaatt tgcagccaac tcagatttaa aggttcttct ttgcggtcca	540
gttggcccaa ggctacatga gcttcttgat gacaatgtct ttgtccacc agagtcattg	600
caggaagtgg atgagttcca cctcatitta gagtatcaag caggggagga gtggggccag	660
ttaaaagctc cccatgcaa ccgattcacc ttctctcag acctctcaa cggggccatg	720
aatatgctgg aggtgtttgt gtctagcctg gaggagtttc agccagacct ggtgttcctc	780
tctggattgc acatgatgga gggacaaagc aaggagctcc agaggaagag actcttgag	840
gttgtaacct ccatttctga catccccact ggtattccag ttacactaga gctggccagt	900
atgactaaca gggagctcat gagcagcatt gtccatcagc aggtctttcc cgcggtgact	960
tccttgggc tgaatgaaca ggagctgta ttctcacc agtcagcctc tggacctcac	1020
tcttctctct ctctctggaa cgggtttcct gatgtgggca tggtcagtga catctcttc	1080
tggatcttga aagaacatgg gaggagtaaa agcagagcct cggtatctac caggatccat	1140
ttccacacgc tggctacca catcttgga actgtggatg gacactgggc caaccagctg	1200
gcagccgtgg ctgcaggagc tcgtgtggct gggacacagg cctgcgccac agaaaccata	1260
gacaccagcc gagtgtctct gagggcacc caagagtcca tgacttccca ttcgagggca	1320
ggctccagga ttgtattaaa cccaaacaag ccagtagtag aatggcacag agagggaata	1380
tccttccact tcacaccagt attggtgtgt aaagacccca ttcgaactgt aggccttgga	1440
gatgccattt cagccgaagg actcttctat tcggaagta caccctcacta t	1491

[0 0 7 2]

<210> 13

<211> 1251

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 13

atgctggatgc atttatttcg ggtcgggatt cgggggtggcc catccccagg caggctgcta	60
ccgccccctcc gcttccagac attctcagct gtcaggtact ctgatggcta ccgcagctcc	120
tccctcctcc gggccgtggc ccacctgcgg tcccagctct gggcccacct ccctcgagcc	180
ccccctagctc ccagatggag cccctctgcc tggctgtggg ttgggggagc cctgctaggc	240
cccatgggtac tgagtaagca tccccacctc tgccttgtgg ccctgtgtga ggcagaagag	300
gccccctcctg ccagctccac accccatgtc gtggggcttc gctttaactg gaagctcttc	360
tggcagtctc tgcacccccca cctgctggtc ctgggggtag ccgtcgtgct ggccttgggt	420
gcggcactcg tgaatgtaca gatccccctg ctcttgggcc agctggtaga ggtcgtggcc	480
aagtacacaa gggaccacgt agggagtctc atgactgagt cccagaatct cagcaccac	540
ctgcttatcc tctatggtgt ccagggactg ctgaccttcg ggtacctggt gctgctgtcc	600
cacgttggcg agcgcatggc tgtggacatg cggaggggccc tcttcagctc cctgctccgg	660
tactgccagc cgcagggtgc agagtggga caagacatca ccttctttga cgccaataag	720
acagggcagc tggtagccg cttgacaact gacgtgcagg agtttaagtc atccttcaag	780
cttgtcatct cccaggggct gcgaagctgc acccagggtg caggctgcct ggtgtccctg	840
tccatgctgt cgacacgcct cacgtctgtg ctgatgggtg ccacaccagc cctgatggga	900
gtgggcaccc tgatgggctc aggcctccga aaattgtctt gccagtgtca ggagcagatc	960
gccagggcaa tgggcgtagc agacgaggcc ctgggcaatg tgcggactgt gcgtgccttc	1020
gccatggagc aacgggaaga ggagcgctat ggggcagagc tggaagcctg ccgctgccgg	1080
gcagaggagc tgggccgagg catcgccttg ttccaagggc ttccaacat cgccttcaac	1140
tgcattggtct tgggtaccct atttattggg ggctcccttg tggccggaca gcagctgaca	1200
gggggagacc tcatgtcctt cctgggtggcc tcccagacag tgcaaaggct g	1251

[0073]

<210> 14

<211> 1947

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 14

atgattccta accagcataa tgctggagcc gggagccacc aacctgcagt tttcagaatg	60
gccgtgttgg aacttgattt ggaicacatt ctccatctt ctgttcttcc tccattctgg	120
gctaagttag tagtgggac ggttgccatt gtgtgttttg cacgcagcta tgatggagac	180
tttgtctttg atgactcaga agctattgtt aacaataagg ttgctgggtg tgcggccgt	240
gcagacctcc tgtgtgccct gttcttcttg ttatctttcc ttggctactg taaagcattt	300
agagaaagta acaaggagg agcgcatctt tccaccttct gggtgctgct gagtatcttt	360
ctgggagcag tggccatgct gtgcaaagag caagggatca ctgtgctggg tttaaatgcg	420
gtatttgaca tcttggatgat aggcaaattc aatgttctgg aaattgtcca gaaggtacta	480
cataaggaca agtcattaga gaatctcggc atgctcagga acgggggcct cctcttcaga	540
atgacctgc tcacctctgg aggggctggg atgctctacg tgcgctggag gatcatgggc	600
acgggcccgc cggccttcac cgagggtggac aaccggcct cctttgciga cagcatgctg	660
gtgagggccg taaactacaa ttactactat tcattgaatg cctggctgct gctgtgtccc	720
tggtggctgt gttttgattg gtcaatgggc tgcattcccc tcattaagtc catcagcgac	780
tggagggtaa ttgcacttgc agcactctgg ttctgcctaa ttggcctgat atgccaagcc	840
ctgtgctctg aagacggcca caagagaagg atccttactc tgggcctggg atttctcggt	900
atcccatttc tccccgcgag taacctgttc ttccgagtgg gcttcgtggt cgcggagcgt	960
gtcctctacc tcccagcat tgggtactgt gtgctgctga cttttggatt cggagccctg	1020
agcaaacata ccaagaaaaa gaaactcatt gccgctgtcg tgcctgggaat cttattcatc	1080
aacacgctga gatgtgtgct ggcagcggc gagtggcgga gtgaggaaca gcttttcaga	1140
agtgtctgt ctgtgtgtcc cctcaatgct aaggttcact acaacattgg caaaaacctg	1200
gctgataaag gcaaccagac agctgccatc agatactacc gggaagctgt aagattaaat	1260
cccaagtatg ttcatgccat gaataatctt ggaaatatct taaaagaaag gaatgagcta	1320
caggaagctg aggagctgct gtctttggct gttcaaatac agccagactt tgccgctgcg	1380
tggatgaatc taggcatagt gcagaatagc ctgaaacggt ttgaagcagc agagcaaagt	1440
taccggacag caattaaaca cagaaggaaa taccagact gttactacaa cctcgggcgt	1500
ctgtatgcag atctcaatcg ccacgtggat gccttgaatg cgtggagaaa tgccaccgtg	1560
ctgaaaccag agcacagcct ggccctggaac aacatgatta tactcctcga caatacaggt	1620
aatttagccc aagctgaagc agttggaaga gaggcactgg aattaatacc taatgatcac	1680
tctctcatgt tctcgttggc aaacgtgctg gggaaatccc agaaatacaa ggaatctgaa	1740

gctttattcc tcaaggcaat taaagcaaat ccaaatgctg caagttacca tggttaatttg 1800
gctgtgcitt atcatcgttg gggacatcta gacttggcca agaaacacta tgaaatctcc 1860
ttgcagcttg accccacggc atcaggaact aaggagaatt acggtctgct gagaagaaag 1920
ctagaactaa tgcaaaagaa agctgtc 1947

【 0 0 7 4 】

<210> 15

<211> 279

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 15

atgatccatc tgggtcacat cctcttcctg cttttgctcc cagtggctgc agctcagacg 60
actccaggag agagatcatc actccctgcc ttttaccctg gcacttcagg ctcttgttcc 120
ggatgtgggt cctctctctt gccgctcctg gcaggcctcg tggctgctga tgcggtggca 180
tcgctgctca tcgtgggggc ggtgttcctg tgcgcacgcc cagcccgag ccccgccaa 240
gaagatggca aagtctacat caacatgcc aagcagggc 279

【 0 0 7 5 】

<210> 16

<211> 1275

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 16

atgggctcct gggctgcggt caatgggac tgggtggagc tacctgtggt ggtcaaagag 60
cttccagagg gttggagcct cccctcttac gtctctgtgc ttgtggctct ggggaacctg 120
ggtctgctgg tggtagacct ctggaggagg ctggccccag gaaaggacga gcaggctccc 180
atccgggtgg tgcaggtgct gggcatggtg ggcacagccc tgctggcctc tctgtggcac 240
catgtggccc cagtggcagg acagttgcat tctgtggcct tcttagcact ggctttgtg 300
ctggcactgg catgctgtgc ctcgaatgtc actttcctgc cttcttgag ccacctgcca 360
cctcgcttct tacggtcatt ctccctgggt caaggcctga gtgccctgct gccctgcgtg 420
ctggccctag tgcaggggtg gggccgcctc gagtgccgc cagccccat caacggcacc 480

cctggccccc cgctcgactt ccttgagcgt ttccccgcca gcaccttctt ctgggcactg 540
 actgcccttc tggtcgcttc agctgctgcc ttccagggtc ttctgctgct gttgccgcca 600
 ccaccatctg taccacagg ggagtttaga tcaggcctcc aggtgggagc cccaggagca 660
 gaggaagagg tggaagagtc ctcaccactg caagagccac caagccaggc agcaggcacc 720
 acccctggtc cagaccctaa ggcctatcag cttctatcag cccgcagtgc ctgcctgctg 780
 ggctgttgg ccgccaccaa cgcgctgacc aatggcgtgc tgccigccgt gcagagcttt 840
 tcctgcttac cctacgggcg tctggcctac cacctggctg tggctgctggg cagtgtgccc 900
 aatccccctgg cctgcttccct ggccatgggt gtgctgtgca ggtccttggc agggctgggc 960
 ggctctctc tgctgggctg gtctgtggg ggctacctga tggcgtggc agtcctgagc 1020
 ccctgcccgc ccctgggtggg cacctcggcg ggggtggctc tcgtgggtgct gtcgtgggtg 1080
 ctgtgtcttg gcgtgttctc ctacgtgaag gtggcagcca gctccctgct gcatggcggg 1140
 ggccggccgg cattgtggc agccggcgtg gccatccagg tgggctctct gctcggcgt 1200
 gtgtctatgt tcccccgac cagcatctat cacgtgttcc acagcagaaa ggactgtgca 1260
 gaccctgtg actcc 1275

【0076】

<210> 17

<211> 447

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 17

atggagactt tgtaccgtgt cccgttctta gtgctcgaat gtcccaacct gaagctgaag 60
 aagccgcctt ggttgacat gccgtcgcc atgactgtgt atgctctggt ggtgggtgt 120
 tacttctca tcaccggagg aataatttat gatgttattg ttgaacctcc aagtgtcgt 180
 tctatgactg atgaacatgg gcatcagagg ccagtagctt tcttggccta cagagtaa 240
 ggacaatata ttatggaagg acttgcatcc agcttcttat ttacaatggg aggtttaggt 300
 ttcataatcc tggaccgatc gaatgcacca aatatcccaa aactcaatag attccttctt 360
 ctgttcattg gattcgtctg tgtcctattg agttttttca tggctagagt attcatgaga 420
 atgaaacigc cgggctatct gatgggt 447

【0077】

<210> 18

<211> 1188

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 18

atggc gatga tcgaattggg gtttgaaga cagaattttc atccattaaa gaggaagagt	60
tcattgctgt tgaaactcat agctgttgtc ttgctgtgc ttctattttg tgaattttta	120
atctattact tagcgatctt tcagtgtaat tggcctgaag tgaaaaccac agcctctgat	180
ggtgaacaga ccacacgtga gcctgtgttc aaagccatgt ttttggctga caccatttg	240
cttggggaat tcctaggcca ctggctggac aaattacgaa gggaatggca gatggagaga	300
gcgttccaga cagctctgtg gtgtgtgcag ccggaagtcg tcttcatcct gggggatc	360
tttgatgaag ggaagtggag cacccttgag gcctgggcgg atgatgtgga gcggtttcag	420
aaaatgttca gacacccaag tcatgtacag ctgaaggtag ttgctggaaa ccatgacatt	480
ggcttccatt atgagatgaa cacatacaaa gtagaacgct ttgagaaagt gttcagctct	540
gaaagactgt ttcttggaa aggcattaac ttgtgtatgg tcaacagcgt ggcgctgaac	600
ggggatggct gtggcatctg ctctgaaaca gaagcagagc tcattgaagt ttctcacaga	660
ctgaactgct cccgagaggc acgtggctcc agccggtgtg gacctgggcc tctgtgccc	720
acgtctgccc ctgtcctcct gcagcattat cctctgtatc ggagaagtga tgctaactgt	780
tctggggaag acgtgtctcc tgcagaggaa agggacatcc catttaagga gaactatgac	840
gtgctttcac gggaggcatc acaaaagctg ctgtgggtggc tccagccgcg cctggttctc	900
agtggccaca cgcacagcgc ctgcgagggtg caccacgggg gccgagtcgc cgagctcagc	960
gtcccatctt tcagtggag gaacagaaac aacccagtt tcatcatggg tagcatcacg	1020
cccacagact acaccctctc caagtgtac ctcccacgtg aggatgtggt ttgatcatc	1080
tactgtggag tgggtggctt cctgtgtgtc ctacactca ctacttttg gcttctagcc	1140
tcaccttttc ttcttggttt gaacttgctc ggaaagcgta agacaaga	1188

[0078]

<210> 19

<211> 1050

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 19

atgatccggc aggagcgctc cacatcctac caggagctga gtgaggagt ggtccaggtg	60
gttgagaact cagagctggc agacgagcag gacaaggaga cggtcagagt ccaaggtccg	120
ggtatcttac caggcctgga cagcgagtcc gcctccagca gcatccgctt cagcaaggcc	180
tgctgaaga acgtcttctc ggtcctactc atcttcatct acctgtgct catggctgtg	240
gccgtcttcc tgggtctaccg gaccatcaca gactttcgtg agaaactcaa gcacctgtc	300
atgtctgtgt cttacaagga agtggatcgc tatgatgcc caggtattgc cttgtacccc	360
ggtcaggccc agttgtcag ctgtaagcac cattacgagg tcattcctcc tctgacaagc	420
cctggccagc cgggtgacat gaattgcacc acccagagga tcaactacac ggaccttctc	480
tccaatcaga ctgtgaaatc tgccctgatt gtccaggggc cccgggaagt gaaaaagcgg	540
gagctggctt tcttccagtt ccgctgaac aagagtagtg aggacttcag cgccattgat	600
tacctctct tctcttcttt ccaggagttc ctgcaaagcc caaacagggt aggtttcatg	660
caggcctgtg agagtgccta ttccagctgg aagtctctg ggggcttccg cacctgggtc	720
aagatgtcac tggtaaagac caaggaggag gatgggcggg aagcagtgga gttccggcag	780
gagacaagtg tggttaacta cattgaccag aggccagctg ccaaaaaaag tgctcaattg	840
ttttttgtgg tctttgaatg gaaagatcct ttcatccaga aagtccaaga tatagtcact	900
gccaatcctt ggaacacaat tgctcttctc tgtggcgctt tcttggcatt atttaaagca	960
gcagagtttg ccaaaactgag tataaaatgg atgatcaaaa ttagaaagag ataccttaaa	1020
agaagaggtc aggcaacgag ccacataagc	1050

[0 0 7 9]

<210> 20

<211> 459

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 20

atgactatcc acatcctcat cctgtgttg ctctcgcct tctccgcca aggggacctg	60
gacactgcag ccaggcgagg ccagcaccag gtccccagc accgcgggca cgtctgtac	120
ctgggcgtat gccggacca ccgcctggcg gagatcatat actggattcg ctgtctccac	180

caaggagccc tcggggaagg ccagccacga gccccaggac ccctacagct atgggcgccg 240
ccggtggcgc gaggcggaag cccggctcgg ttcccaggat tccggcctgc agcgaggggg 300
ctagcgagct gcccagctcg ctgggtgacc tcgggcacgg ctcgtcccct cctcggcttc 360
agtttgccta tctgtatgtt ggagcttcta ctccacattt cttctcccct aactccagcc 420
cctgaaaccg tcttccccag tccctccccg ggctgcgac 459

【 0 0 8 0 】

<210> 21

<211> 4027

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (192)...(1370)

<400> 21

gccccgtaca aagcggcgaa ggtaacggcg cgaggaggcg cgcgtcgccg ccccgcgctcc 60
cgcttcgggc ccgcgcccc ggcttcaccg cctcctgccc gcctgcccgc ctgcccgcct 120
gccccgcctac ccgcctaccc gcctaccgc ctacccccct gccggcctgc cgtccttcca 180
cgcgagagagc c atg gag gga gtg agc gcg ctg ctg gcc cgc tgc ccc acg 230

Met Glu Gly Val Ser Ala Leu Leu Ala Arg Cys Pro Thr

1

5

10

gcc ggc ctg gcc ggc ggc ctg ggg gtc acg gcg tgc gcc gcg gcc ggc 278

Ala Gly Leu Ala Gly Gly Leu Gly Val Thr Ala Cys Ala Ala Ala Gly

15

20

25

gtg ttg ctc tac cgg atc gcg cgg agg atg aag cca acg cac acg atg 326

Val Leu Leu Tyr Arg Ile Ala Arg Arg Met Lys Pro Thr His Thr Met

30

35

40

45

gtc aac tgc tgg ttc tgc aac cag gat acg ctg gtg ccc tat ggg aac 374

Val Asn Cys Trp Phe Cys Asn Gln Asp Thr Leu Val Pro Tyr Gly Asn

50

55

60

cgc aac tgc tgg gac tgt ccc cac tgc gag cag tac aac ggc ttc cag	422
Arg Asn Cys Trp Asp Cys Pro His Cys Glu Gln Tyr Asn Gly Phe Gln	
65 70 75	
gag aac ggc gac tac aac aag ccg atc ccc gcc cag tac ttg gag cac	470
Glu Asn Gly Asp Tyr Asn Lys Pro Ile Pro Ala Gln Tyr Leu Glu His	
80 85 90	
ctg aac cac gtg gtg agc agc gcg ccc agc ctg cgc gac cct tcg cag	518
Leu Asn His Val Val Ser Ser Ala Pro Ser Leu Arg Asp Pro Ser Gln	
95 100 105	
ccg cag cag tgg gtg agc agc caa gtc ctg ctg tgc aag agg tgc aac	566
Pro Gln Gln Trp Val Ser Ser Gln Val Leu Leu Cys Lys Arg Cys Asn	
110 115 120 125	
cac cac cag acc acc aag atc aag cag ctg gcc gcc ttc gct ccc cgc	614
His His Gln Thr Thr Lys Ile Lys Gln Leu Ala Ala Phe Ala Pro Arg	
130 135 140	
gag gag ggc agg tat gac gag gag gtc gag gtg tac cgg cat cac ctg	662
Glu Glu Gly Arg Tyr Asp Glu Glu Val Glu Val Tyr Arg His His Leu	
145 150 155	
gag cag atg tac aag ctg tgc cgg ccg tgc caa gcg gct gtg gag tac	710
Glu Gln Met Tyr Lys Leu Cys Arg Pro Cys Gln Ala Ala Val Glu Tyr	
160 165 170	
tac atc aag cac cag aac cgc cag ctg cgc gcc ctg ttg ctc agc cac	758
Tyr Ile Lys His Gln Asn Arg Gln Leu Arg Ala Leu Leu Leu Ser His	
175 180 185	
cag ttc aag cgc cgg gag gcc gac cag acc cac gca cag aac ttc tcc	806
Gln Phe Lys Arg Arg Glu Ala Asp Gln Thr His Ala Gln Asn Phe Ser	
190 195 200 205	
tcc gcc gtg aag tcc ccg gtc cag gtc atc ctg ctc cgt gcc ctc gcc	854
Ser Ala Val Lys Ser Pro Val Gln Val Ile Leu Leu Arg Ala Leu Ala	

210	215	220	
ttc ctg gcc tgc gcc ttc cta ctg acc acc gcg ctg tat ggg gcc agc			902
Phe Leu Ala Cys Ala Phe Leu Leu Thr Thr Ala Leu Tyr Gly Ala Ser			
225	230	235	
gga cac ttc gcc cca ggc acc act gtg ccc ctg gcc ctg cca cct ggt			950
Gly His Phe Ala Pro Gly Thr Thr Val Pro Leu Ala Leu Pro Pro Gly			
240	245	250	
ggc aat ggc tca gcc aca cct gac aat ggc acc acc cct ggg gcc gag			998
Gly Asn Gly Ser Ala Thr Pro Asp Asn Gly Thr Thr Pro Gly Ala Glu			
255	260	265	
ggc tgg cgg cag ttg ctg ggc cta ctc ccc gag cac atg gcg gag aag			1046
Gly Trp Arg Gln Leu Leu Gly Leu Leu Pro Glu His Met Ala Glu Lys			
270	275	280	285
ctg tgt gag gcc tgg gcc ttt ggg cag agc cac cag acg ggc gtc gtg			1094
Leu Cys Glu Ala Trp Ala Phe Gly Gln Ser His Gln Thr Gly Val Val			
290	295	300	
gca ctg ggc cta ctc acc tgc ctg ctg gca atg ctg ctg gct ggc cgc			1142
Ala Leu Gly Leu Leu Thr Cys Leu Leu Ala Met Leu Leu Ala Gly Arg			
305	310	315	
atc agg ctc cgg agg atc gat gcc ttc tgc acc tgc ctg tgg gcc ctg			1190
Ile Arg Leu Arg Arg Ile Asp Ala Phe Cys Thr Cys Leu Trp Ala Leu			
320	325	330	
ctg ctg ggg ctg cac ctg gct gag cag cac ctg cag gcc gcc tcg cct			1238
Leu Leu Gly Leu His Leu Ala Glu Gln His Leu Gln Ala Ala Ser Pro			
335	340	345	
agc tgg cta gac acg ctc aag ttc agc acc aca tct ttg tgc tgc ctg			1286
Ser Trp Leu Asp Thr Leu Lys Phe Ser Thr Thr Ser Leu Cys Cys Leu			
350	355	360	365
gtt ggc ttc acg gcg gct gtg gcc aca agg aag gca acg ggc cca cgg			1334

Val Gly Phe Thr Ala Ala Val Ala Thr Arg Lys Ala Thr Gly Pro Arg

370

375

380

agg ttc cgg ccc cga agg tca gag aag cag cca tgactgcggg ggg 1380

Arg Phe Arg Pro Arg Arg Ser Glu Lys Gln Pro

385

390

aggacacacg gatgctcagg cccaggcttt gccagggtccg aagcggggccc ctctctgtcc 1440
 tgctcttttt cactgtctca cgccctccca cccccaccct acagccccag gtccctggccc 1500
 agtcccccca ctgcctcgaa gagtcagtct gccctgcctt ttcctttcgg gcaccaccag 1560
 ccatccccga gtgcccgtga gccactcacc actgctgccca cctctctggc caatggccct 1620
 ttactgggcc tggtagctgg aatgtgggca gcgcccacac aggctctggc ccatggcttc 1680
 ctactggcag ctccaggcac cccctctca ccacgccgtt tgctggctct gacactgttg 1740
 ggtgagggtc ctggctctgc tgtcttcct tctggcctct gcacaggggt ggtgacagtg 1800
 gctacaggct gggccccctgg cgtgccctga ccgtgcagca gagtgaggct ggggcagcag 1860
 agagccccag cctcaccctt gaggagcacc tgtggtctgt ccccttggtc ctgcttatgg 1920
 ctggaccggc cctgcaggag gtggtggagc cgtgaaggag gccgagctgc agctctggct 1980
 gctgcttggc ctctgtctcc aagaccctcc cgagtccccg gaaatggaga gtgcagttct 2040
 tgggcccagc ctggccttcg ccatgagttt ggggagcgag accccacctg agacaggcag 2100
 taggagcctg tgctgacctt ggggaatctg agcttttcca agggttaagg gcccagggtta 2160
 tgcaggcctt cagtacatc aggtcgttgt catcctttcc ctccctgacc tgtcacgagc 2220
 ctctgcagggt gcctgtcac catggcccag cgccactctg tctccgact caggtagagg 2280
 ggcagcccac agacctgtc ctcatagca gggcctggcc aggcccctgc tgttctcagc 2340
 ctcatgttg catctatgaa atgagggtga cccctctcca tagcccttgg gtgccagctc 2400
 agtgggtgtg gggatcacat gaggtggctc atgaggacac actctggaag tcgaggggct 2460
 gccacgtgca gaggaagttc ccggcctggg ggctttatcc aggggtccca gtcgagagt 2520
 gcccagggcc gtccctcacc gggcatgttc cctctggctg cccactccct caggggccac 2580
 atgtcctgcc actcgccact ctgagcacga gtacacctc cagatgtggc cagggtgtgc 2640
 cagctctct ctctgtgcg ttggaacccc gggggaggca agagcagatc acaggtgcat 2700
 gagggttaca cccgtcacct gggctctgcc ggatgggttg ggggggcagg tgccaggcct 2760
 cactgctgtg aatctgccac gcctgggggt cctagaggct gccccacccc agtgattggg 2820

tagcagctca catccccccc agcttcacaa gtgaggaacc caggtgcatc gggagaccct	2880
cgggggcttc tgtggcctct gtgcccgatg acctgcgtgg cttcagacaa ggccccagcg	2940
ttactgggct cagcttggtg ttctgtgtgg agcgtgaggt gagaaaaccc ctctgaaaag	3000
atgtggtcgg ggccacgctt cccactggtt ctgcagttag gaggtagggc gggtagacca	3060
aagcggcccc ccatgggtgc tacctgaggg gcagggaacc gcctgccctgt gcactcacgc	3120
cacccccag cccacaaaga gcccatctga gagaaggacg tggtaggagcc aggacgggaa	3180
agcgtcctgt cggctggcca tgcgtgtgct tgcgtctcga atcttcggtt ctctgaggaag	3240
tgttgacagt gtgatgctaa tgcctgcttt tcttggcggt gggtagaagc aggacatctg	3300
tgtgtatgig cgtattttaa ttagattatt tataataacc agagccagcc ctctgcgtgg	3360
ccaggatcct cctgccgagc tgatgtcgtt cctgccctct gccgggggtcc ggaagcgaca	3420
tctcaggagg tagctctcag cagagttagg attcctgcct ttcgtagagt tttgtgtgac	3480
tttttaaatt attcatgtgt cccttaaaag tttactacg tggagaaaat tccagcacca	3540
agtgttgtgg caacagctga gagagtgcag gcaccactgt gttgtggcct gttagaccggg	3600
aatgtgtcac ccctgccagg gaactcttct cctcgcgggg gacttgggat ggccatcaga	3660
ccttctaggg tctggctggg gtaatcctag gtatgggtga ccgtccctga gacataagcg	3720
aggtagattc agccatcctc accctcagac ttgaggtccc caccagggcc aagccggccc	3780
cccgtacccc ttgcctggga gcaaaccgcc aggacgcagc ctccacgccg cacctgccac	3840
accagccct gccaggaag gaacacatga cccttctgtc tgtgactgtt gctgagtctc	3900
tgtctcatgt cgtagaattg tggataattg tctagtacc ctctcatcac tgtaaccatc	3960
gcgcctggcc tagatgtcgt gttttggatg ctgtgttttc aataaatgcc tctggggccc	4020
tgctttt	4027

【 0 0 8 1 】

<210> 22

<211> 2495

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (30)...(1523)

<400> 22

gttcg	cgag	gtggg	cgcc	tgggt	cccc	atg	gcg	ctg	tgg	cg	g	g	tcc	g	g		53
Met Ala Leu Trp Arg Gly Ser Ala																	
1 5																	
tac	g	g	g	t	t	c	t	g	g	c	t	g	g	c	c	c	101
Tyr	Ala	Gly	Phe	Leu	Ala	Leu	Ala	Val	Gly	Cys	Val	Phe	Leu	Leu	Glu		
10 15 20																	
cca	gag	ctg	cca	ggc	tgc	g	c	t	g	c	g	t	c	t	g	g	149
Pro	Glu	Leu	Pro	Gly	Ser	Ala	Leu	Arg	Ser	Leu	Trp	Ser	Ser	Leu	Cys		
25 30 35 40																	
ctg	ggg	ccc	g	c	g	c	c	t	g	c	c	c	c	g	g	a	197
Leu	Gly	Pro	Ala	Pro	Ala	Pro	Pro	Gly	Pro	Val	Ser	Pro	Glu	Gly	Arg		
45 50 55																	
ttg	g	c	g	g	c	a	g	c	c	t	g	g	a	c	c	c	245
Leu	Ala	Ala	Ala	Trp	Asp	Ala	Leu	Ile	Val	Arg	Pro	Val	Arg	Arg	Trp		
60 65 70																	
cgc	cg	c	g	t	g	g	c	a	g	t	g	g	a	g	t	c	293
Arg	Arg	Val	Ala	Val	Gly	Val	Asn	Ala	Cys	Val	Asp	Val	Val	Leu	Ser		
75 80 85																	
ggg	gtg	aag	ctc	t	t	g	c	a	c	t	t	g	c	c	t	t	341
Gly	Val	Lys	Leu	Leu	Gln	Ala	Leu	Gly	Leu	Ser	Pro	Gly	Asn	Gly	Lys		
90 95 100																	
gat	cac	agc	att	ctg	cat	tca	agg	aat	gat	ctg	gaa	gaa	gcc	ttc	att	389	
Asp	His	Ser	Ile	Leu	His	Ser	Arg	Asn	Asp	Leu	Glu	Glu	Ala	Phe	Ile		
105 110 115 120																	
cac	ttc	atg	tgg	aag	gga	gca	gct	gct	gag	cg	c	t	t	c	a	437	
His	Phe	Met	Trp	Lys	Gly	Ala	Ala	Ala	Glu	Arg	Phe	Phe	Ser	Asp	Lys		
125 130 135																	
gaa	act	ttt	cac	gac	att	gcc	cag	gtt	gc	g	t	c	a	g	a	485	

Glu Thr Phe His Asp Ile Ala Gln Val Ala Ser Glu Phe Pro Gly Ala	
140 145 150	
cag cac tat gta gga gga aat gca gct tta att gga cag aaa ttt gca	533
Gln His Tyr Val Gly Gly Asn Ala Ala Leu Ile Gly Gln Lys Phe Ala	
155 160 165	
gcc aac tca gat tta aag gtt ctt ctt tgc ggt cca gtt ggc cca agg	581
Ala Asn Ser Asp Leu Lys Val Leu Leu Cys Gly Pro Val Gly Pro Arg	
170 175 180	
cta cat gag ctt ctt gat gac aat gtc ttt gtt cca cca gag tca ttg	629
Leu His Glu Leu Leu Asp Asp Asn Val Phe Val Pro Pro Glu Ser Leu	
185 190 195 200	
cag gaa gtg gat gag ttc cac ctc att tta gag tat caa gca ggg gag	677
Gln Glu Val Asp Glu Phe His Leu Ile Leu Glu Tyr Gln Ala Gly Glu	
205 210 215	
gag tgg ggc cag tta aaa gct ccc cat gcc aac cga ttc atc ttc tct	725
Glu Trp Gly Gln Leu Lys Ala Pro His Ala Asn Arg Phe Ile Phe Ser	
220 225 230	
cac gac ctc tcc aac ggg gcc atg aat atg ctg gag gtg ttt gtg tct	773
His Asp Leu Ser Asn Gly Ala Met Asn Met Leu Glu Val Phe Val Ser	
235 240 245	
agc ctg gag gag ttt cag cca gac ctg gtg gtc ctc tct gga ttg cac	821
Ser Leu Glu Glu Phe Gln Pro Asp Leu Val Val Leu Ser Gly Leu His	
250 255 260	
atg atg gag gga caa agc aag gag ctc cag agg aag aga ctc ttg gag	869
Met Met Glu Gly Gln Ser Lys Glu Leu Gln Arg Lys Arg Leu Leu Glu	
265 270 275 280	
gtt gta acc tcc att tct gac atc ccc act ggt att cca gtt cac cta	917
Val Val Thr Ser Ile Ser Asp Ile Pro Thr Gly Ile Pro Val His Leu	
285 290 295	

gag ctg gcc agt atg act aac agg gag ctc atg agc agc att gtc cat	965
Glu Leu Ala Ser Met Thr Asn Arg Glu Leu Met Ser Ser Ile Val His	
300 305 310	
cag cag gtc ttt ccc gcg gtg act tcc ctt ggg ctg aat gaa cag gag	1013
Gln Gln Val Phe Pro Ala Val Thr Ser Leu Gly Leu Asn Glu Gln Glu	
315 320 325	
ctg tta ttt ctc acc cag tca gcc tct gga cct cac tct tct ctc tct	1061
Leu Leu Phe Leu Thr Gln Ser Ala Ser Gly Pro His Ser Ser Leu Ser	
330 335 340	
tcc tgg aac ggt gtt cct gat gtg ggc atg gtc agt gac atc ctc ttc	1109
Ser Trp Asn Gly Val Pro Asp Val Gly Met Val Ser Asp Ile Leu Phe	
345 350 355 360	
tgg atc ttg aaa gaa cat ggg agg agt aaa agc aga gcc tcg gat ctc	1157
Trp Ile Leu Lys Glu His Gly Arg Ser Lys Ser Arg Ala Ser Asp Leu	
365 370 375	
acc agg atc cat ttc cac acg ctg gtc tac cac atc ctg gca act gtg	1205
Thr Arg Ile His Phe His Thr Leu Val Tyr His Ile Leu Ala Thr Val	
380 385 390	
gat gga cac tgg gcc aac cag ctg gca gcc gtg gct gca gga gct cgt	1253
Asp Gly His Trp Ala Asn Gln Leu Ala Ala Val Ala Ala Gly Ala Arg	
395 400 405	
gtg gct ggg aca cag gcc tgc gcc aca gaa acc ata gac acc agc cga	1301
Val Ala Gly Thr Gln Ala Cys Ala Thr Glu Thr Ile Asp Thr Ser Arg	
410 415 420	
gtg tct ctg agg gca ccc caa gag ttc atg act tcc cat tcg gag gca	1349
Val Ser Leu Arg Ala Pro Gln Glu Phe Met Thr Ser His Ser Glu Ala	
425 430 435 440	
ggc tcc agg att gta tta aac cca aac aag cca gta gta gaa tgg cac	1397
Gly Ser Arg Ile Val Leu Asn Pro Asn Lys Pro Val Val Glu Trp His	

445	450	455	
aga gag gga ata tcc ttc cac ttc aca cca gta ttg gtg tgt aaa gac			1445
Arg Glu Gly Ile Ser Phe His Phe Thr Pro Val Leu Val Cys Lys Asp			
460	465	470	
ccc att cga act gta ggc ctt gga gat gcc att tca gcc gaa gga ctc			1493
Pro Ile Arg Thr Val Gly Leu Gly Asp Ala Ile Ser Ala Glu Gly Leu			
475	480	485	
ttc tat tgc gaa gta cac cct cac tat taggaagatt cttaggggta			1540
Phe Tyr Ser Glu Val His Pro His Tyr			
490	495		
atttttctga ggaaggagaa ctagccaact taagaattac aggaagaaag tggtttggaa			1600
gacagccaaa gaaataaaag cagattaaac tgtatcaggt acattccagc ctgttggcaa			1660
ctccataaaa acatttcaga ttttaatccg aatttagcta atgagactgg atttttgttt			1720
tttatgttgt gtgtcacaga gctaaaaact cagttcccaa atccccagtt tatgcagcgc			1780
catcaggtat ttttaagctaa acttcttcac ccctgagagc atgtcagctg gagaaaagca			1840
gttcttccct gccacttga gaagtgcacg cccactcacc caacatcctg gtctctagga			1900
aagcctcatg tgaggttcct ctttctttca gctcagtgcc catgggcaag gatcatgatt			1960
tccattccgt gttacaatga caatatitaa tgagcataac cttctcagtc tccgtctctc			2020
aaatttagga cagagccgct aaggacaaaa caatccctcc cgtgctttat gatggcagca			2080
ggggctgggg agcctctgag ggactctttc attctgcagt tgtctggaag cctgggtggc			2140
gtcatgagct gaaggatcat gctttcctgt cctggctcca taggttatag gctggctggt			2200
gaaaggttca cgtggcccag gctgaacttc attgcctagc tttggatgtg ctttctgcca			2260
taaagactga ttttgttgc tctgagcct tcaaggaatt tgttttttac aactggaata			2320
tgctcctgtg tgtgttaaca gatcatggat gttttatgtt ttcactgac atttaaagag			2380
tttgacctca gagctccagg atcatcagta aatttgtcat gttatatatt tattttttta			2440
taaatcaaga cttctgtgtg ctcttaata tattaaaaac aatttacatt tcagg			2495

【 0 0 8 2 】

<210> 23

<211> 1617

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

 $\langle 222 \rangle \quad (67) \dots (1320)$

<400> 23

atagagccct cagtgggatg aggggtgaaac tgctattgcc ggcggctcct gttttaccgc 60

gtcagc atg ctg gtg cat tta ttt cgg gtc ggg att cgg ggt ggc cca 108

Met Leu Val His Leu Phe Arg Val Gly Ile Arg Gly Gly Pro

1 5 10

ttc cca ggc agg ctg cta ccg ccc ctc cgc ttc cag aca ttc tca gct 156

Phe Pro Gly Arg Leu Leu Pro Pro Leu Arg Phe Gln Thr Phe Ser Ala

15 20 25 30

gtc agg tac tct gat ggc tac cgc agc tcc tcc ctc ctc cgg gcc gtg 204

Val Arg Tyr Ser Asp Gly Tyr Arg Ser Ser Ser Leu Leu Arg Ala Val

35 40 45

gcc cac ctg cgg tcc cag ctc tgg gcc cac ctc cct cga gcc ccc cta 252

Ala His Leu Arg Ser Gln Leu Trp Ala His Leu Pro Arg Ala Pro Leu

50 55 60

gct ccc aga tgg agc ccc tct gcc tgg tgc tgg gtt ggg gga gcc ctg 300

Ala Pro Arg Trp Ser Pro Ser Ala Trp Cys Trp Val Gly Gly Ala Leu

65 70 75

cta ggc ccc atg gta ctg agt aag cat ccc cac ctc tgc ctt gtg gcc 348

Leu Gly Pro Met Val Leu Ser Lys His Pro His Leu Cys Leu Val Ala

80 85 90

ctg tgt gag gca gaa gag gcc cct cct gcc agc tcc aca ccc cat gtc 396

Leu Cys Glu Ala Glu Glu Ala Pro Pro Ala Ser Ser Thr Pro His Val

95 100 105 110

gtg ggg tct cgc ttt aac tgg aag ctc ttc tgg cag ttt ctg cac ccc 444

Val Gly Ser Arg Phe Asn Trp Lys Leu Phe Trp Gln Phe Leu His Pro	
115 120 125	
cac ctg ctg gtc ctg ggg gta gcc gtc gtg ctg gcc ttg ggt gcg gca	492
His Leu Leu Val Leu Gly Val Ala Val Val Leu Ala Leu Gly Ala Ala	
130 135 140	
ctc gtg aat gta cag atc ccc ctg ctc ctg ggc cag ctg gta gag gtc	540
Leu Val Asn Val Gln Ile Pro Leu Leu Leu Gly Gln Leu Val Glu Val	
145 150 155	
gtg gcc aag tac aca agg gac cac gta ggg agt ttc atg act gag tcc	588
Val Ala Lys Tyr Thr Arg Asp His Val Gly Ser Phe Met Thr Glu Ser	
160 165 170	
cag aat ctc agc acc cac ctg ctt atc ctc tat ggt gtc cag gga ctg	636
Gln Asn Leu Ser Thr His Leu Leu Ile Leu Tyr Gly Val Gln Gly Leu	
175 180 185 190	
ctg acc ttc ggg tac ctg gtg ctg ctg tcc cac gtt ggc gag cgc atg	684
Leu Thr Phe Gly Tyr Leu Val Leu Leu Ser His Val Gly Glu Arg Met	
195 200 205	
gct gtg gac atg cgg agg gcc ctc ttc agc tcc ctg ctc cgg tac tgc	732
Ala Val Asp Met Arg Arg Ala Leu Phe Ser Ser Leu Leu Arg Tyr Cys	
210 215 220	
cag ccg cag ggt gca gag ttg gga caa gac atc acc ttc ttt gac gcc	780
Gln Pro Gln Gly Ala Glu Leu Gly Gln Asp Ile Thr Phe Phe Asp Ala	
225 230 235	
aat aag aca ggg cag ctg gtg agc cgc ttg aca act gac gtg cag gag	828
Asn Lys Thr Gly Gln Leu Val Ser Arg Leu Thr Thr Asp Val Gln Glu	
240 245 250	
ttt aag tca tcc ttc aag ctt gtc atc tcc cag ggg ctg cga agc tgc	876
Phe Lys Ser Ser Phe Lys Leu Val Ile Ser Gln Gly Leu Arg Ser Cys	
255 260 265 270	

acc cag gtg gca ggc tgc ctg gtg tcc ctg tcc atg ctg tgc aca cgc	924
Thr Gln Val Ala Gly Cys Leu Val Ser Leu Ser Met Leu Ser Thr Arg	
275 280 285	
ctc acg ctg ctg ctg atg gtg gcc aca cca gcc ctg atg gga gtg ggc	972
Leu Thr Leu Leu Leu Met Val Ala Thr Pro Ala Leu Met Gly Val Gly	
290 295 300	
acc ctg atg ggc tca ggc ctc cga aaa ttg tct tgc cag tgt cag gag	1020
Thr Leu Met Gly Ser Gly Leu Arg Lys Leu Ser Cys Gln Cys Gln Glu	
305 310 315	
cag atc gcc agg gca atg ggc gta gca gac gag gcc ctg ggc aat gtg	1068
Gln Ile Ala Arg Ala Met Gly Val Ala Asp Glu Ala Leu Gly Asn Val	
320 325 330	
cgg act gtg cgt gcc ttc gcc atg gag caa cgg gaa gag gag cgc tat	1116
Arg Thr Val Arg Ala Phe Ala Met Glu Gln Arg Glu Glu Glu Arg Tyr	
335 340 345 350	
ggg gca gag ctg gaa gcc tgc cgc tgc cgg gca gag gag ctg ggc cgc	1164
Gly Ala Glu Leu Glu Ala Cys Arg Cys Arg Ala Glu Glu Leu Gly Arg	
355 360 365	
ggc atc gcc ttg ttc caa ggg ctt tcc aac atc gcc ttc aac tgc atg	1212
Gly Ile Ala Leu Phe Gln Gly Leu Ser Asn Ile Ala Phe Asn Cys Met	
370 375 380	
gtc ttg ggt acc cta ttt att ggg ggc tcc ctt gtg gcc gga cag cag	1260
Val Leu Gly Thr Leu Phe Ile Gly Gly Ser Leu Val Ala Gly Gln Gln	
385 390 395	
ctg aca ggg gga gac ctc atg tcc ttc ctg gtg gcc tcc cag aca gtg	1308
Leu Thr Gly Gly Asp Leu Met Ser Phe Leu Val Ala Ser Gln Thr Val	
400 405 410	
caa agg ctg tgacattcca tgcattggaag gaccatcctt gacaggctgt gtg	1360
Gln Arg Leu	

415

agctgccctt ccccatgcct gccattcca gggatgacaa gctgaccct gtccccacac	1420
acccaccct tatagcttat tgctttgcgt tggatcaaaa ccaccgctc agctgagcct	1480
ctgggatgac cagagctgat caccagacag ctcaaggcgg gcctcccccc tcctatctct	1540
ttccaagcta aacacaagca gttctacata aatatgttat ggtaaataat gagatagtaa	1600
atatgctgia acagatc	1617

[0 0 8 3]

<210> 24

<211> 3269

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (260)...(2209)

<400> 24

agagtttccg caccggggag ggagatgcgg ccggggctca ggctccttgc agttgtaatt	60
tagattcgag aagtgggttta tctttgact ggaaaagaaa agtagctgca gtattcccc	120
agcacttgct gagagcatgc cgtatgccag gctgtgaggc tcgagagaca agcagtggaa	180
gagttgcggc ctgtttcatc tctggattgt aaatctgagc ctccttctgg cccctggaag	240
gggacagcat cacgatgga atg att cct aac cag cat aat gct gga gcc ggg	292

Met Ile Pro Asn Gln His Asn Ala Gly Ala Gly

1 5 10

agc cac caa cct gca gtt ttc aga atg gcc gtg ttg gac act gat ttg	340
---	-----

Ser His Gln Pro Ala Val Phe Arg Met Ala Val Leu Asp Thr Asp Leu

15 20 25

gat cac att ctt cca tct tct gtt ctt cct cca ttc tgg gct aag tta	388
---	-----

Asp His Ile Leu Pro Ser Ser Val Leu Pro Pro Phe Trp Ala Lys Leu

30 35 40

gta gtg gga tcg gtt gcc att gtg tgt ttt gca cgc agc tat gat gga	436
---	-----

ccg gcc ttc acc gag gtg gac aac ccg gcc tcc ttt gct gac agc atg	916
Pro Ala Phe Thr Glu Val Asp Asn Pro Ala Ser Phe Ala Asp Ser Met	
205 210 215	
ctg gtg agg gcc gta aac tac aat tac tac tat tca ttg aat gcc tgg	964
Leu Val Arg Ala Val Asn Tyr Asn Tyr Tyr Tyr Ser Leu Asn Ala Trp	
220 225 230 235	
ctg ctg ctg tgt ccc tgg tgg ctg tgt ttt gat tgg tca atg ggc tgc	1012
Leu Leu Leu Cys Pro Trp Trp Leu Cys Phe Asp Trp Ser Met Gly Cys	
240 245 250	
atc ccc ctc att aag tcc atc agc gac tgg agg gta att gca ctt gca	1060
Ile Pro Leu Ile Lys Ser Ile Ser Asp Trp Arg Val Ile Ala Leu Ala	
255 260 265	
gca ctc tgg ttc tgc cta att ggc ctg ata tgc caa gcc ctg tgc tct	1108
Ala Leu Trp Phe Cys Leu Ile Gly Leu Ile Cys Gln Ala Leu Cys Ser	
270 275 280	
gaa gac ggc cac aag aga agg atc ctt act ctg ggc ctg gga ttt ctc	1156
Glu Asp Gly His Lys Arg Arg Ile Leu Thr Leu Gly Leu Gly Phe Leu	
285 290 295	
gtt atc cca ttt ctc ccc gcg agt aac ctg ttc ttc cga gtg ggc ttc	1204
Val Ile Pro Phe Leu Pro Ala Ser Asn Leu Phe Phe Arg Val Gly Phe	
300 305 310 315	
gtg gtc gcg gag cgt gtc ctc tac ctc ccc agc att ggg tac tgt gtg	1252
Val Val Ala Glu Arg Val Leu Tyr Leu Pro Ser Ile Gly Tyr Cys Val	
320 325 330	
ctg ctg act ttt gga ttc gga gcc ctg agc aaa cat acc aag aaa aag	1300
Leu Leu Thr Phe Gly Phe Gly Ala Leu Ser Lys His Thr Lys Lys Lys	
335 340 345	
aaa ctc att gcc gct gtc gtg ctg gga atc tta ttc atc aac acg ctg	1348
Lys Leu Ile Ala Ala Val Val Leu Gly Ile Leu Phe Ile Asn Thr Leu	

350	355	360	
aga tgt gtg ctg cgc agc ggc gag tgg cgg agt gag gaa cag ctt ttc			1396
Arg Cys Val Leu Arg Ser Gly Glu Trp Arg Ser Glu Glu Gln Leu Phe			
365	370	375	
aga agt gct ctg tct gtg tgt ccc ctc aat gct aag gtt cac tac aac			1444
Arg Ser Ala Leu Ser Val Cys Pro Leu Asn Ala Lys Val His Tyr Asn			
380	385	390	395
att ggc aaa aac ctg gct gat aaa ggc aac cag aca gct gcc atc aga			1492
Ile Gly Lys Asn Leu Ala Asp Lys Gly Asn Gln Thr Ala Ala Ile Arg			
400	405	410	
tac tac cgg gaa gct gta aga tta aat ccc aag tat gtt cat gcc atg			1540
Tyr Tyr Arg Glu Ala Val Arg Leu Asn Pro Lys Tyr Val His Ala Met			
415	420	425	
aat aat ctt gga aat atc tta aaa gaa agg aat gag cta cag gaa gct			1588
Asn Asn Leu Gly Asn Ile Leu Lys Glu Arg Asn Glu Leu Gln Glu Ala			
430	435	440	
gag gag ctg ctg tct ttg gct gtt caa ata cag cca gac ttt gcc gct			1636
Glu Glu Leu Leu Ser Leu Ala Val Gln Ile Gln Pro Asp Phe Ala Ala			
445	450	455	
gcg tgg atg aat cta ggc ata gtg cag aat agc ctg aaa cgg ttt gaa			1684
Ala Trp Met Asn Leu Gly Ile Val Gln Asn Ser Leu Lys Arg Phe Glu			
460	465	470	475
gca gca gag caa agt tac cgg aca gca att aaa cac aga agg aaa tac			1732
Ala Ala Glu Gln Ser Tyr Arg Thr Ala Ile Lys His Arg Arg Lys Tyr			
480	485	490	
cca gac tgt tac tac aac ctc ggg cgt ctg tat gca gat ctc aat cgc			1780
Pro Asp Cys Tyr Tyr Asn Leu Gly Arg Leu Tyr Ala Asp Leu Asn Arg			
495	500	505	
cac gtg gat gcc ttg aat gcg tgg aga aat gcc acc gtg ctg aaa cca			1828

His Val Asp Ala Leu Asn Ala Trp Arg Asn Ala Thr Val Leu Lys Pro	
510 515 520	
gag cac agc ctg gcc tgg aac aac atg att ata ctc ctc gac aat aca	1876
Glu His Ser Leu Ala Trp Asn Asn Met Ile Ile Leu Leu Asp Asn Thr	
525 530 535	
ggt aat tta gcc caa gct gaa gca gtt gga aga gag gca ctg gaa tta	1924
Gly Asn Leu Ala Gln Ala Glu Ala Val Gly Arg Glu Ala Leu Glu Leu	
540 545 550 555	
ata cct aat gat cac tct ctc atg ttc tgc ttg gca aac gtg ctg ggg	1972
Ile Pro Asn Asp His Ser Leu Met Phe Ser Leu Ala Asn Val Leu Gly	
560 565 570	
aaa tcc cag aaa tac aag gaa tct gaa gct tta ttc ctc aag gca att	2020
Lys Ser Gln Lys Tyr Lys Glu Ser Glu Ala Leu Phe Leu Lys Ala Ile	
575 580 585	
aaa gca aat cca aat gct gca agt tac cat ggt aat ttg gct gtg ctt	2068
Lys Ala Asn Pro Asn Ala Ala Ser Tyr His Gly Asn Leu Ala Val Leu	
590 595 600	
tat cat cgt tgg gga cat cta gac ttg gcc aag aaa cac tat gaa atc	2116
Tyr His Arg Trp Gly His Leu Asp Leu Ala Lys Lys His Tyr Glu Ile	
605 610 615	
tcc ttg cag ctt gac ccc acg gca tca gga act aag gag aat tac ggt	2164
Ser Leu Gln Leu Asp Pro Thr Ala Ser Gly Thr Lys Glu Asn Tyr Gly	
620 625 630 635	
ctg ctg aga aga aag cta gaa cta atg caa aag aaa gct gtc tgat	2210
Leu Leu Arg Arg Lys Leu Glu Leu Met Gln Lys Lys Ala Val	
640 645	
cctgtttcct tcatgttttg agtttgagtg tgtgtgtgca tgaggcatat cattaatagt	2270
atgtggttac atttaacat ttaaaagtct tagacatggt attttactga tttttttcta	2330
tgaaaacaaa gacatgcaaa aagattatag caccagcaat atactcttga atgcgtgata	2390

tgatttttca ttgaaattgt attttttcag acaactcaaa tgtaattcta aaattccaaa 2450
aatgtctttt ttaattaaac agaaaaagag aaaaaattat cttagagcaac ttttagtaga 2510
attgagctta catttgggat ctgagccttg tcgtgtatgg actagcacta ttaaacttca 2570
attatgacca agaaaggata cactggcccc tacaatttgt ataaatattg aacatgtcta 2630
tatattagca tttttattta atgacaaagc aaattaagtt tttttatctc ttttttttaa 2690
aacaacatac tgtgaacttt gtaaggaaat atttatttgt atttttatgt ttggaatagg 2750
gcaaataatc gaatgaggaa tggaagtitt aacatagtat atctatatgc ttttccccat 2810
aggaagaaat tgactcttgc agtttttggg tgctctgact tgtgcaattt caatacacag 2870
gagattatgt aatgtaatat tttcataag cggttactat caattgaaag ttcaagccat 2930
gcttttaggca agagcaggca gcctcacatc tttatttttg ttacatcaa ggtgaagagg 2990
gcaacacatc tgtgtaagct gctttttagt gtgtttatct gaaggccgtt ttccattttg 3050
cttaatgtaa ctacagacat tatccagaaa atgcaaaatt ttctatcaaa tggagccaca 3110
ttcggggaat tcgtggtatt tttagaatt gagttgttcc tgctgttttt tatttgatcc 3170
aaacaatggt ttgttttggt cttctctgta tgctgttgac ctaatgattt atgcaatctc 3230
tgtaatttct tatgcagtaa aattactaca caaactagc 3269

[0 0 8 4]

<210> 25

<211> 458

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (66)...(347)

<400> 25

acagttcctc tggacttctc tggaccacag tcctctgcc gacccctgcc agaccccagt 60
ccacc atg atc cat ctg ggt cac atc ctc ttc ctg ctt ttg ctc cca gtg 110
Met Ile His Leu Gly His Ile Leu Phe Leu Leu Leu Pro Val
1 5 10 15
gct gca gct cag acg act cca gga gag aga tca tca ctc cct gcc ttt 158

Ala Ala Ala Gln Thr Thr Pro Gly Glu Arg Ser Ser Leu Pro Ala Phe	
20 25 30	
tac cct ggc act tca ggc tct tgt tcc gga tgt ggg tcc ctc tct ctg	206
Tyr Pro Gly Thr Ser Gly Ser Cys Ser Gly Cys Gly Ser Leu Ser Leu	
35 40 45	
ccg ctc ctg gca ggc ctc gtg gct gct gat gcg gtg gca tcg ctg ctc	254
Pro Leu Leu Ala Gly Leu Val Ala Ala Asp Ala Val Ala Ser Leu Leu	
50 55 60	
atc gtg ggg gcg gtg ttc ctg tgc gca cgc cca cgc cgc agc ccc gcc	302
Ile Val Gly Ala Val Phe Leu Cys Ala Arg Pro Arg Arg Ser Pro Ala	
65 70 75	
caa gaa gat ggc aaa gtc tac atc aac atg cca ggc agg ggc tgaccc	350
Gln Glu Asp Gly Lys Val Tyr Ile Asn Met Pro Gly Arg Gly	
80 85 90	
tcctgcagct tggacctttg acttctgacc ctctcatcct ggatgggtgtg tgggtggcaca	410
ggaacccccg ccccaacttt tggattgtaa taaaacaatt gaaacacc	458

【 0 0 8 5 】

<210> 26

<211> 1712

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (180)...(1457)

<400> 26

tcccgctggc tagaagaagt cticacttcc caggagagcc aaagcgtgtc tggccctagg	60
tgggaaaaga actggctgtg acctttgccc tgacctggaa gggcccagcc ttgggctgaa	120
tggcagcacc cacgcccgcc cgtccggtgc tgaccacct gctggtggct ctcttcggc	179
atg ggc tcc tgg gct gcg gtc aat ggg atc tgg gtg gag cta cct gtg	227

Met Gly Ser Trp Ala Ala Val Asn Gly Ile Trp Val Glu Leu Pro Val	
1 5 10 15	
gtg gtc aaa gag ctt cca gag ggt tgg agc ctc ccc tct tac gtc tct	275
Val Val Lys Glu Leu Pro Glu Gly Trp Ser Leu Pro Ser Tyr Val Ser	
20 25 30	
gtg ctt gtg gct ctg ggg aac ctg ggt ctg ctg gtg gtg acc ctc tgg	323
Val Leu Val Ala Leu Gly Asn Leu Gly Leu Leu Val Val Thr Leu Trp	
35 40 45	
agg agg ctg gcc cca gga aag gac gag cag gtc ccc atc cgg gtg gtg	371
Arg Arg Leu Ala Pro Gly Lys Asp Glu Gln Val Pro Ile Arg Val Val	
50 55 60	
cag gtg ctg ggc atg gtg ggc aca gcc ctg ctg gcc tct ctg tgg cac	419
Gln Val Leu Gly Met Val Gly Thr Ala Leu Leu Ala Ser Leu Trp His	
65 70 75 80	
cat gtg gcc cca gtg gca gga cag ttg cat tct gtg gcc ttc tta gca	467
His Val Ala Pro Val Ala Gly Gln Leu His Ser Val Ala Phe Leu Ala	
85 90 95	
ctg gcc ttt gtg ctg gca ctg gca tgc tgt gcc tcg aat gtc act ttc	515
Leu Ala Phe Val Leu Ala Leu Ala Cys Cys Ala Ser Asn Val Thr Phe	
100 105 110	
ctg ccc ttc ttg agc cac ctg cca cct cgc ttc tta cgg tca ttc ttc	563
Leu Pro Phe Leu Ser His Leu Pro Pro Arg Phe Leu Arg Ser Phe Phe	
115 120 125	
ctg ggt caa ggc ctg agt gcc ctg ctg ccc tgc gtg ctg gcc cta gtg	611
Leu Gly Gln Gly Leu Ser Ala Leu Leu Pro Cys Val Leu Ala Leu Val	
130 135 140	
cag ggt gtg ggc cgc ctc gag tgc ccg cca gcc ccc atc aac ggc acc	659
Gln Gly Val Gly Arg Leu Glu Cys Pro Pro Ala Pro Ile Asn Gly Thr	
145 150 155 160	

cct ggc ccc ccg ctc gac ttc ctt gag cgt ttt ccc gcc agc acc ttc	707
Pro Gly Pro Pro Leu Asp Phe Leu Glu Arg Phe Pro Ala Ser Thr Phe	
165 170 175	
ttc tgg gca ctg act gcc ctt ctg gtc gct tca gct gct gcc ttc cag	755
Phe Trp Ala Leu Thr Ala Leu Leu Val Ala Ser Ala Ala Ala Phe Gln	
180 185 190	
ggt ctt ctg ctg ctg ttg ccg cca cca cca tct gta ccc aca ggg gag	803
Gly Leu Leu Leu Leu Leu Pro Pro Pro Pro Ser Val Pro Thr Gly Glu	
195 200 205	
tta gga tca ggc ctc cag gtg gga gcc cca gga gca gag gaa gag gtg	851
Leu Gly Ser Gly Leu Gln Val Gly Ala Pro Gly Ala Glu Glu Glu Val	
210 215 220	
gaa gag tcc tca cca ctg caa gag cca cca agc cag gca gca ggc acc	899
Glu Glu Ser Ser Pro Leu Gln Glu Pro Pro Ser Gln Ala Ala Gly Thr	
225 230 235 240	
acc cct ggt cca gac cct aag gcc tat cag ctt cta tca gcc cgc agt	947
Thr Pro Gly Pro Asp Pro Lys Ala Tyr Gln Leu Leu Ser Ala Arg Ser	
245 250 255	
gcc tgc ctg ctg ggc ctg ttg gcc gcc acc aac gcg ctg acc aat ggc	995
Ala Cys Leu Leu Gly Leu Leu Ala Ala Thr Asn Ala Leu Thr Asn Gly	
260 265 270	
gtg ctg cct gcc gtg cag agc ttt tcc tgc tta ccc tac ggg cgt ctg	1043
Val Leu Pro Ala Val Gln Ser Phe Ser Cys Leu Pro Tyr Gly Arg Leu	
275 280 285	
gcc tac cac ctg gct gtg gtg ctg ggc agt gct gcc aat ccc ctg gcc	1091
Ala Tyr His Leu Ala Val Val Leu Gly Ser Ala Ala Asn Pro Leu Ala	
290 295 300	
tgc ttc ctg gcc atg ggt gtg ctg tgc agg tcc ttg gca ggg ctg ggc	1139
Cys Phe Leu Ala Met Gly Val Leu Cys Arg Ser Leu Ala Gly Leu Gly	

305	310	315	320	
ggc ctc tct ctg ctg ggc gtg ttc tgt ggg ggc tac ctg atg gcg ctg				1187
Gly Leu Ser Leu Leu Gly Val Phe Cys Gly Gly Tyr Leu Met Ala Leu				
325	330	335		
gca gtc ctg agc ccc tgc ccg ccc ctg gtg ggc acc tcg gcg ggg gtg				1235
Ala Val Leu Ser Pro Cys Pro Pro Leu Val Gly Thr Ser Ala Gly Val				
340	345	350		
gtc ctc gtg gtg ctg tcg tgg gtg ctg tgt ctt ggc gtg ttc tcc tac				1283
Val Leu Val Val Leu Ser Trp Val Leu Cys Leu Gly Val Phe Ser Tyr				
355	360	365		
gtg aag gtg gca gcc agc tcc ctg ctg cat ggc ggg ggc cgg ccg gca				1331
Val Lys Val Ala Ala Ser Ser Leu Leu His Gly Gly Gly Arg Pro Ala				
370	375	380		
ttg ctg gca gcc ggc gtg gcc atc cag gtg ggc tct ctg ctc ggc gct				1379
Leu Leu Ala Ala Gly Val Ala Ile Gln Val Gly Ser Leu Leu Gly Ala				
385	390	395	400	
gtt gct atg ttc ccc ccg acc agc atc tat cac gtg ttc cac agc aga				1427
Val Ala Met Phe Pro Pro Thr Ser Ile Tyr His Val Phe His Ser Arg				
405	410	415		
aag gac tgt gca gac ccc tgt gac tcc tgagcctggg caggtgggga ccccg				1480
Lys Asp Cys Ala Asp Pro Cys Asp Ser				
420	425			
tccccaacac ctgtctttcc ctcaatgctg ccacatgcc tgagtgcctg cagcccagga				1540
ggcccgacac ccggtacact cgtggacacc tacacactcc ataggagatc ctggctttcc				1600
agggtgggca agggcaagga gcaggcttgg agccaggac cagtgggggc tgtagggtaa				1660
gcccctgagc ctgggacctc catgtgggtt gcgtaataaa acatttgtat tt				1712
<210> 27				
<211> 1055				
<212> DNA				

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (53)...(502)

<400> 27

accgggaggc gcgtggggct tgaggccgag aacggccctt gctgccacca ac atg 55

Met

1

gag act ttg tac cgt gtc ccg ttc tta gtg ctc gaa tgt ccc aac ctg 103

Glu Thr Leu Tyr Arg Val Pro Phe Leu Val Leu Glu Cys Pro Asn Leu

5

10

15

aag ctg aag aag ccg ccc tgg ttg cac atg ccg tcg gcc atg act gtg 151

Lys Leu Lys Lys Pro Pro Trp Leu His Met Pro Ser Ala Met Thr Val

20

25

30

tat gct ctg gtg gtg gtg tct tac ttc ctc atc acc gga gga ata att 199

Tyr Ala Leu Val Val Val Ser Tyr Phe Leu Ile Thr Gly Gly Ile Ile

35

40

45

tat gat gtt att gtt gaa cct cca agt gtc ggt tct atg act gat gaa 247

Tyr Asp Val Ile Val Glu Pro Pro Ser Val Gly Ser Met Thr Asp Glu

50

55

60

65

cat ggg cat cag agg cca gta gct ttc ttg gcc tac aga gta aat gga 295

His Gly His Gln Arg Pro Val Ala Phe Leu Ala Tyr Arg Val Asn Gly

70

75

80

caa tat att atg gaa gga ctt gca tcc agc ttc cta ttt aca atg gga 343

Gln Tyr Ile Met Glu Gly Leu Ala Ser Ser Phe Leu Phe Thr Met Gly

85

90

95

ggt tta ggt ttc ata atc ctg gac cga tcg aat gca cca aat atc cca 391

Gly Leu Gly Phe Ile Ile Leu Asp Arg Ser Asn Ala Pro Asn Ile Pro

100

105

110

aaa ctc aat aga ttc ctt ctt ctg ttc att gga ttc gtc tgt gtc cta 439
Lys Leu Asn Arg Phe Leu Leu Leu Phe Ile Gly Phe Val Cys Val Leu

115

120

125

ttg agt ttt ttc atg gct aga gta ttc atg aga atg aaa ctg ccg ggc 487
Leu Ser Phe Phe Met Ala Arg Val Phe Met Arg Met Lys Leu Pro Gly

130

135

140

145

tat ctg atg ggt tagagtgcct ttgagaagaa atcagtggat actggatttg c 540
Tyr Leu Met Gly

tcctgtcaat gaagtttttaa aggctgtacc aatcctctaa tatgaaatgt ggaaaagaat 600
gaagagcagc agtaaaagaa atatctagtg aaaaaacagg aagcgtattg aagcttggac 660
tagaatttct tcttggtatt aaagagacaa gttatcaca gaattttttt tcctgctggc 720
ctattgctat accaatgatg ttgagtggca ttttctttt agtttttcat taaaatatat 780
tccatatcta caactataat atcaaataaa gtgattattt tttacaaccc tcttaacatt 840
ttttggagat gacatttctg attttcagaa attaacataa aatccagaag caagattccg 900
taagctgaga actctggaca gttgatcagc tttacctatg gtgctttgcc tttactaga 960
gtgtgtgatg gtagattatt tcagatatgt atgtaaaact gtttcctgaa caataagatg 1020
tatgaacgga gcagaaataa atactttttc taatt 1055

<210> 28

<211> 1616

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (222)...(1412)

<400> 28

gagctctcac ggtttctctt ttctgacaa aaagaatatt aatgaaactt tatcatcttg 60
gtgagaaaag cattctaata gctttattct gacatacggg ggtatggaga gcttgaagga 120
gtcagagagg tgcccagcta agacctgaat gccatcacc tccccagggc tctgcagttt 180

tctcgtggtg aacccttgat ggatttgttg ttgcttgaga a atg gcg atg atc	233
Met Ala Met Ile	
1	
gaa ttg ggg ttt gga aga cag aat ttt cat cca tta aag agg aag agt	281
Glu Leu Gly Phe Gly Arg Gln Asn Phe His Pro Leu Lys Arg Lys Ser	
5 10 15 20	
tca ttg ctg ttg aaa ctc ata gct gtt gtc ttt gct gtg ctt cta ttt	329
Ser Leu Leu Leu Lys Leu Ile Ala Val Val Phe Ala Val Leu Leu Phe	
25 30 35	
tgt gaa ttt tta atc tat tac tta gcg atc ttt cag tgt aat tgg cct	377
Cys Glu Phe Leu Ile Tyr Tyr Leu Ala Ile Phe Gln Cys Asn Trp Pro	
40 45 50	
gaa gtg aaa acc aca gcc tct gat ggt gaa cag acc aca cgt gag cct	425
Glu Val Lys Thr Thr Ala Ser Asp Gly Glu Gln Thr Thr Arg Glu Pro	
55 60 65	
gtg ctc aaa gcc atg ttt ttg gct gac acc cat ttg ctt ggg gaa ttc	473
Val Leu Lys Ala Met Phe Leu Ala Asp Thr His Leu Leu Gly Glu Phe	
70 75 80	
cta ggc cac tgg ctg gac aaa tta cga agg gaa tgg cag atg gag aga	521
Leu Gly His Trp Leu Asp Lys Leu Arg Arg Glu Trp Gln Met Glu Arg	
85 90 95 100	
gcg ttc cag aca gct ctg tgg ttg ctg cag ccg gaa gtc gtc ttc atc	569
Ala Phe Gln Thr Ala Leu Trp Leu Leu Gln Pro Glu Val Val Phe Ile	
105 110 115	
ctg ggg gat atc ttt gat gaa ggg aag tgg agc acc cct gag gcc tgg	617
Leu Gly Asp Ile Phe Asp Glu Gly Lys Trp Ser Thr Pro Glu Ala Trp	
120 125 130	
gcg gat gat gtg gag cgg ttt cag aaa atg ttc aga cac cca agt cat	665
Ala Asp Asp Val Glu Arg Phe Gln Lys Met Phe Arg His Pro Ser His	

135	140	145	
gta cag ctg aag gta gtt gct gga aac cat gac att ggc ttc cat tat			713
Val Gln Leu Lys Val Val Ala Gly Asn His Asp Ile Gly Phe His Tyr			
150	155	160	
gag atg aac aca tac aaa gta gaa cgc ttt gag aaa gtg ttc agc tct			761
Glu Met Asn Thr Tyr Lys Val Glu Arg Phe Glu Lys Val Phe Ser Ser			
165	170	175	180
gaa aga ctg ttt tct tgg aaa ggc att aac ttt gtg atg gtc aac agc			809
Glu Arg Leu Phe Ser Trp Lys Gly Ile Asn Phe Val Met Val Asn Ser			
185	190	195	
gtg gcg ctg aac ggg gat ggc tgt ggc atc tgc tct gaa aca gaa gca			857
Val Ala Leu Asn Gly Asp Gly Cys Gly Ile Cys Ser Glu Thr Glu Ala			
200	205	210	
gag ctc att gaa gtt tct cac aga ctg aac tgc tcc cga gag gca cgt			905
Glu Leu Ile Glu Val Ser His Arg Leu Asn Cys Ser Arg Glu Ala Arg			
215	220	225	
ggc tcc agc cgg tgt gga cct ggg cct ctg ctg ccc acg tct gcc cct			953
Gly Ser Ser Arg Cys Gly Pro Gly Pro Leu Leu Pro Thr Ser Ala Pro			
230	235	240	
gtc ctc ctg cag cat tat cct ctg tat cgg aga agt gat gct aac tgt			1001
Val Leu Leu Gln His Tyr Pro Leu Tyr Arg Arg Ser Asp Ala Asn Cys			
245	250	255	260
tct ggg gaa gac gct gct cct gca gag gaa agg gac atc cca ttt aag			1049
Ser Gly Glu Asp Ala Ala Pro Ala Glu Glu Arg Asp Ile Pro Phe Lys			
265	270	275	
gag aac tat gac gtg ctt tca cgg gag gca tca caa aag ctg ctg tgg			1097
Glu Asn Tyr Asp Val Leu Ser Arg Glu Ala Ser Gln Lys Leu Leu Trp			
280	285	290	
tgg ctc cag ccg cgc ctg gtt ctc agt ggc cac acg cac agc gcc tgc			1145

Trp	Leu	Gln	Pro	Arg	Leu	Val	Leu	Ser	Gly	His	Thr	His	Ser	Ala	Cys		
295			300			305											
gag gtg cac cac ggg ggc cga gtc ccc gag ctc agc gtc cca tct ttc																1193	
Glu	Val	His	His	Gly	Gly	Arg	Val	Pro	Glu	Leu	Ser	Val	Pro	Ser	Phe		
310			315			320											
agt tgg agg aac aga aac aac ccc agt ttc atc atg ggt agc atc acg																1241	
Ser	Trp	Arg	Asn	Arg	Asn	Asn	Pro	Ser	Phe	Ile	Met	Gly	Ser	Ile	Thr		
325			330			335			340								
ccc aca gac tac acc ctc tcc aag tgc tac ctc cca cgt gag gat gtg																1289	
Pro	Thr	Asp	Tyr	Thr	Leu	Ser	Lys	Cys	Tyr	Leu	Pro	Arg	Glu	Asp	Val		
345			350			355											
gtt ttg atc atc tac tgt gga gtg gtg ggc ttc ctt gtg gtc ctc aca																1337	
Val	Leu	Ile	Ile	Tyr	Cys	Gly	Val	Val	Gly	Phe	Leu	Val	Val	Leu	Thr		
360			365			370											
ctc act cac ttt ggg ctt cta gcc tca cct ttt ctt tct ggt ttg aac																1385	
Leu	Thr	His	Phe	Gly	Leu	Leu	Ala	Ser	Pro	Phe	Leu	Ser	Gly	Leu	Asn		
375			380			385											
ttg ctc gga aag cgt aag aca aga tgaagagcag gcgccattat a																1430	
Leu	Leu	Gly	Lys	Arg	Lys	Thr	Arg										
390			395														
aatatcaaag cccaagaaat ggaactttgg gcagagatca tgtagaatc aagtggatga																1490	
tgagaccaat tacaggccgt ctctctgcac agcacagaaa ttctcaatca ctgaaatgag																1550	
taactgcaaa ataaatagtt gattgtactg ttctcatgct ataaaagtgg acaggtactc																1610	
tacaac																1616	

<210> 29

<211> 1860

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (69)...(1121)

<400> 29

gagaagtgtc	gcgtccgtgc	gccgcgggct	ggggcgggtct	caggtgtgcc	gaagctctgg	60		
tcagtgcc	atg atc	cgg cag	gag cgc	tcc aca	tcc tac	cag gag	ctg	107
Met Ile Arg Gln Glu Arg Ser Thr Ser Tyr Gln Glu Leu								
1	5	10						
agt gag	gag ttg	gtc cag	gtg gtt	gag aac	tca gag	ctg gca	gac gag	155
Ser Glu	Glu Leu	Val Gln	Val Val	Glu Asn	Ser Glu	Leu Ala	Asp Glu	
15	20	25						
cag gac	aag gag	acg gtc	aga gtc	caa ggt	ccg ggt	atc tta	cca ggc	203
Gln Asp	Lys Glu	Thr Val	Arg Val	Gln Gly	Pro Gly	Ile Leu	Pro Gly	
30	35	40	45					
ctg gac	agc gag	tcc gcc	tcc agc	agc atc	cgc ttc	agc aag	gcc tgc	251
Leu Asp	Ser Glu	Ser Ala	Ser Ser	Ser Ile	Arg Phe	Ser Lys	Ala Cys	
50	55	60						
ctg aag	aac gtc	ttc tcg	gtc cta	ctc atc	ttc atc	tac ctg	ctg ctc	299
Leu Lys	Asn Val	Phe Ser	Val Leu	Leu Ile	Phe Ile	Tyr Leu	Leu Leu	
65	70	75						
atg gct	gtg gcc	gtc ttc	ctg gtc	tac cgg	acc atc	aca gac	ttt cgt	347
Met Ala	Val Ala	Val Phe	Leu Val	Tyr Arg	Thr Ile	Thr Asp	Phe Arg	
80	85	90						
gag aaa	ctc aag	cac cct	gtc atg	tct gtg	tct tac	aag gaa	gtg gat	395
Glu Lys	Leu Lys	His Pro	Val Met	Ser Val	Ser Tyr	Lys Glu	Val Asp	
95	100	105						
cgc tat	gat gcc	cca ggt	att gcc	ttg tac	ccc ggt	cag gcc	cag ttg	443
Arg Tyr	Asp Ala	Pro Gly	Ile Ala	Leu Tyr	Pro Gly	Gln Ala	Gln Leu	
110	115	120	125					
ctc agc	tgt aag	cac cat	tac gag	gtc att	cct cct	ctg aca	agc cct	491

Leu Ser Cys Lys His His Tyr Glu Val Ile Pro Pro Leu Thr Ser Pro	
130 135 140	
ggc cag ccg ggt gac atg aat tgc acc acc cag agg atc aac tac acg	539
Gly Gln Pro Gly Asp Met Asn Cys Thr Thr Gln Arg Ile Asn Tyr Thr	
145 150 155	
gac ccc ttc tcc aat cag act gtg aaa tct gcc ctg att gtc cag ggg	587
Asp Pro Phe Ser Asn Gln Thr Val Lys Ser Ala Leu Ile Val Gln Gly	
160 165 170	
ccc cgg gaa gtg aaa aag cgg gag ctg gtc ttc ctc cag ttc cgc ctg	635
Pro Arg Glu Val Lys Lys Arg Glu Leu Val Phe Leu Gln Phe Arg Leu	
175 180 185	
aac aag agt agt gag gac ttc agc gcc att gat tac ctc ctc ttc tct	683
Asn Lys Ser Ser Glu Asp Phe Ser Ala Ile Asp Tyr Leu Leu Phe Ser	
190 195 200 205	
tct ttc cag gag ttc ctg caa agc cca aac agg gta ggc ttc atg cag	731
Ser Phe Gln Glu Phe Leu Gln Ser Pro Asn Arg Val Gly Phe Met Gln	
210 215 220	
gcc tgt gag agt gcc tat tcc agc tgg aag ttc tct ggg ggc ttc cgc	779
Ala Cys Glu Ser Ala Tyr Ser Ser Trp Lys Phe Ser Gly Gly Phe Arg	
225 230 235	
acc tgg gtc aag atg tca ctg gta aag acc aag gag gag gat ggg cgg	827
Thr Trp Val Lys Met Ser Leu Val Lys Thr Lys Glu Glu Asp Gly Arg	
240 245 250	
gaa gca gtg gag ttc cgg cag gag aca agt gtg gtt aac tac att gac	875
Glu Ala Val Glu Phe Arg Gln Glu Thr Ser Val Val Asn Tyr Ile Asp	
255 260 265	
cag agg cca gct gcc aaa aaa agt gct caa ttg ttt ttt gtg gtc ttt	923
Gln Arg Pro Ala Ala Lys Lys Ser Ala Gln Leu Phe Phe Val Val Phe	
270 275 280 285	

gaa tgg aaa gat cct ttc atc cag aaa gtc caa gat ata gtc act gcc 971
 Glu Trp Lys Asp Pro Phe Ile Gln Lys Val Gln Asp Ile Val Thr Ala
 290 295 300
 aat cct tgg aac aca att gct ctt ctc tgt ggc gcc ttc ttg gca tta 1019
 Asn Pro Trp Asn Thr Ile Ala Leu Leu Cys Gly Ala Phe Leu Ala Leu
 305 310 315
 ttt aaa gca gca gag ttt gcc aaa ctg agt ata aaa tgg atg atc aaa 1067
 Phe Lys Ala Ala Glu Phe Ala Lys Leu Ser Ile Lys Trp Met Ile Lys
 320 325 330
 att aga aag aga tac ctt aaa aga aga ggt cag gca acg agc cac ata 1115
 Ile Arg Lys Arg Tyr Leu Lys Arg Arg Gly Gln Ala Thr Ser His Ile
 335 340 345
 agc tgaagtcacc tcgcgttggt tagagaactg tccacatcaa tgggagctgt ca 1170
 Ser
 350
 tcacttccac ttigttaaag gagctatcaa caatcctgta ctacttgaa gaaatggggc 1230
 cttgctggga ggaacagcat gtaaaactgg aacttctaac cccgtcccaa aagaggcggt 1290
 gtagagccta atagaagaga ctaatggata aacctacaag ttatttaaata atttaaatta 1350
 ttaataaact ttttaaagag ctggccaatg acttttgaat agggtttgta gaagatgcct 1410
 ttcttcctgt ttggttcatt gtattgtatt aggttaagct ctactagggt aatgaaggct 1470
 ctacttttca ctttttaaaa gtggacaaaa gagtgtgatt ttctttttcc aaaaattcct 1530
 gagtatcaag acgtgcaggt catgctttgg agcctatgca ctgtacacaa aggcaaaacc 1590
 ctatgacttt ggcatcatct gccattgatg tccagcctct gacatgctct ttgatttggt 1650
 aaatgttaaa tgagacttta aggctactag aaactagtaa ttaagtttct taatggactg 1710
 agtagccacc tactgtccg gctagaatgt ttgttgatgt atgagtttag attaacactc 1770
 aaaagcacta ggacagatgt acatagaagg tgcctactca ttgtattttg atgatttcat 1830
 taacaggtaa ataaaagtta atacaaaagg 1860
 <210> 30
 <211> 783

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (245)...(706)

<400> 30

acacacccag tgaggtctct ggagccgcgg tgcgggaagc ggggaccagg gtttgaatcc	60
tgcctctctg gtgtgggtgcg gcctcttccc acagactttt ggcttcagtg ttccccgcct	120
gggaagtggg gactggccct ggtacctggc tccagagctg caccagagg cgatcagccc	180
ggtgcgggaa cggggcgggg tggccgcaac tacgggccac ggatcctgac ccgccctgcc	240
cacg atg act atc cac atc ctc atc ctg ctg ttg ctc ctc gcc ttc	286
Met Thr Ile His Ile Leu Ile Leu Leu Leu Leu Ala Phe	
1 5 10	
tcc gcc caa ggg gac ctg gac act gca gcc agg cga ggc cag cac cag	334
Ser Ala Gln Gly Asp Leu Asp Thr Ala Ala Arg Arg Gly Gln His Gln	
15 20 25 30	
gtc ccc cag cac cgc ggg cac gtc tgc tac ctg ggc gta tgc cgg acc	382
Val Pro Gln His Arg Gly His Val Cys Tyr Leu Gly Val Cys Arg Thr	
35 40 45	
cac cgc ctg gcg gag atc ata tac tgg att cgc tgt ctc cac caa gga	430
His Arg Leu Ala Glu Ile Ile Tyr Trp Ile Arg Cys Leu His Gln Gly	
50 55 60	
gcc ctc ggg gaa ggc cag cca cga gcc cca gga ccc cta cag cta tgg	478
Ala Leu Gly Glu Gly Gln Pro Arg Ala Pro Gly Pro Leu Gln Leu Trp	
65 70 75	
gcg ccg ccg gtg gcg cga ggc gga agc ccg gct cgg ttc cca gga ttc	526
Ala Pro Pro Val Ala Arg Gly Gly Ser Pro Ala Arg Phe Pro Gly Phe	
80 85 90	
cgg cct gca gcg agg ggg cta gcg cag tgc cca gct cgc tgg gtg acc	574

Arg	Pro	Ala	Ala	Arg	Gly	Leu	Ala	Gln	Cys	Pro	Ala	Arg	Trp	Val	Thr		
95						100				105					110		
tcg	ggc	acg	gct	cgt	ccc	ctc	ctc	ggc	ttc	agt	ttg	cct	atc	tgt	atg	622	
Ser	Gly	Thr	Ala	Arg	Pro	Leu	Leu	Gly	Phe	Ser	Leu	Pro	Ile	Cys	Met		
						115				120				125			
ttg	gag	ctt	cta	ctc	cac	att	tct	tct	ccc	cta	act	cca	gcc	cct	gaa	670	
Leu	Glu	Leu	Leu	Leu	His	Ile	Ser	Ser	Pro	Leu	Thr	Pro	Ala	Pro	Glu		
						130				135				140			
acc	gtc	ttc	ccc	agt	ccc	tcc	ccg	ggc	tgc	gac	taggttggac	ctagaag				720	
Thr	Val	Phe	Pro	Ser	Pro	Ser	Pro	Gly	Cys	Asp							
						145				150							
cacacgggac	caggctgggc	gaagaacact	gacgccccaga	gccgaataaa	caagagttcc											780	
gtg																783	

【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP02883がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図2】 クローンHP03140がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP10628がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クローンHP10629がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図5】 クローンHP10635がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図6】 クローンHP10636がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図7】 クローンHP10640がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図8】 クローンHP10644がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

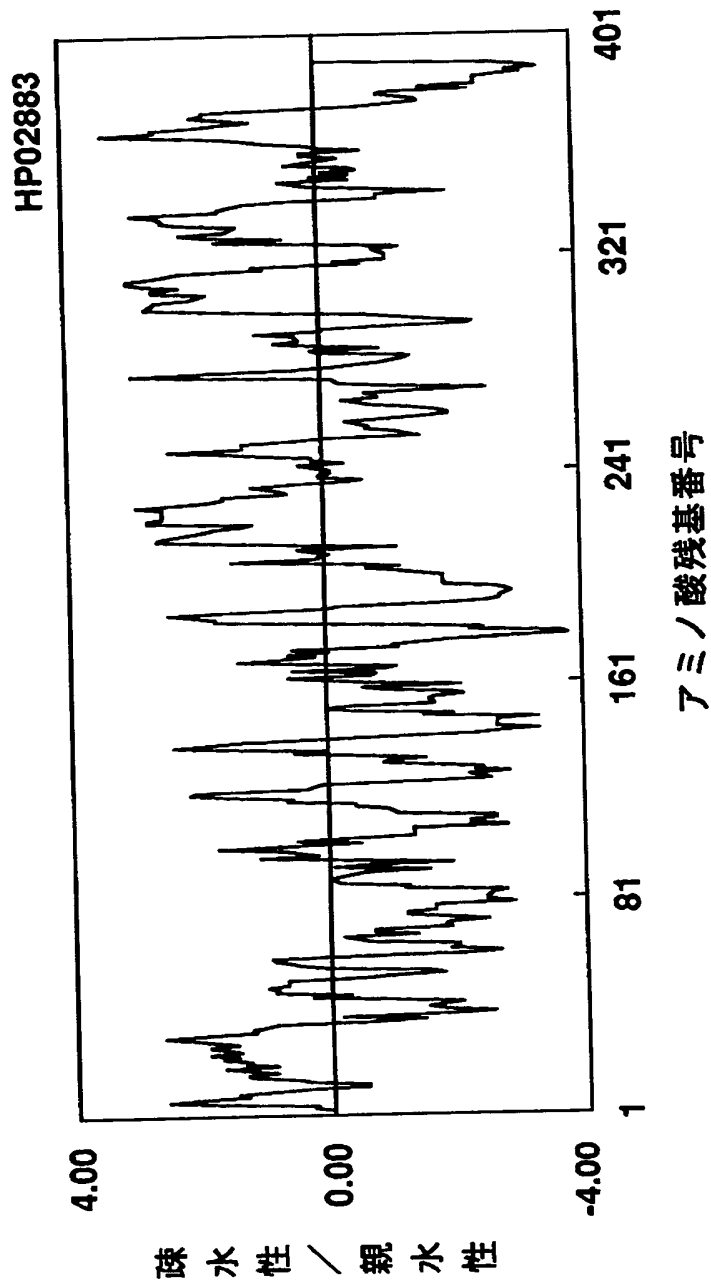
ィールを示す図である。

【図 9】 クローン HP 10656 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロ
ィールを示す図である。

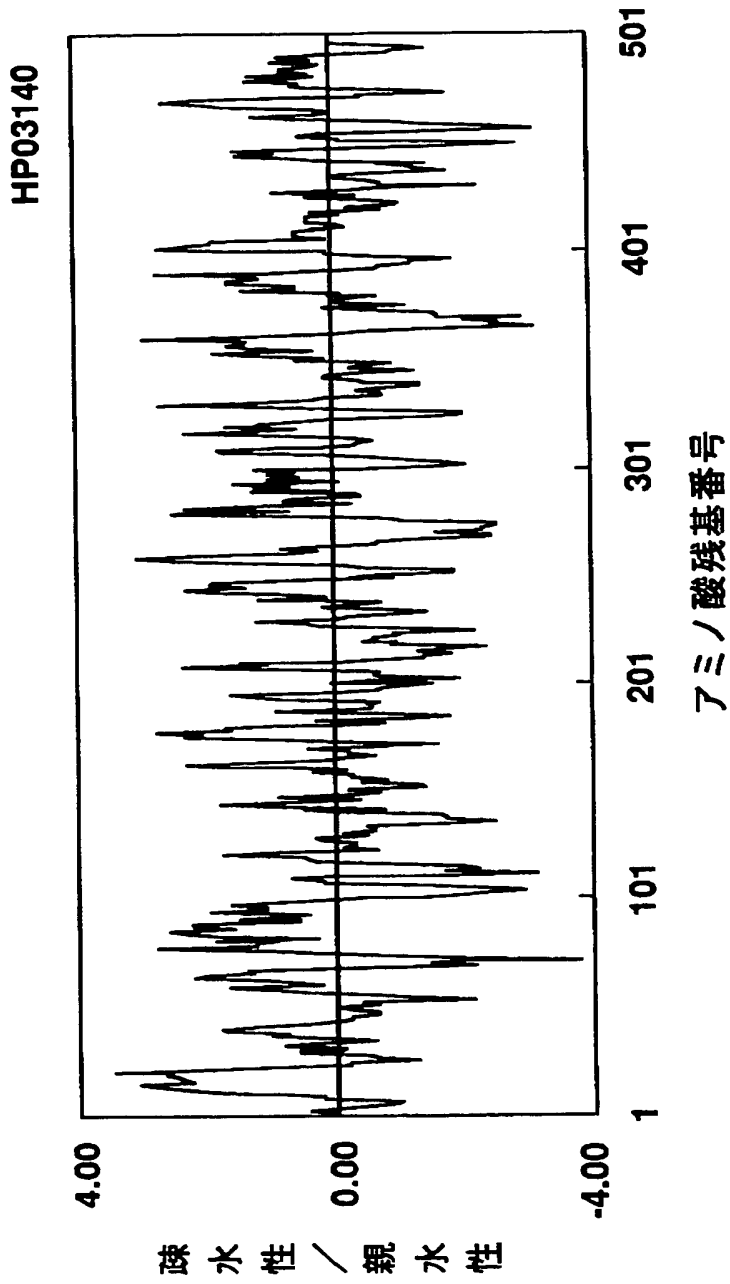
【図 10】 クローン HP 10672 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロ
ィールを示す図である。

【書類名】 図面

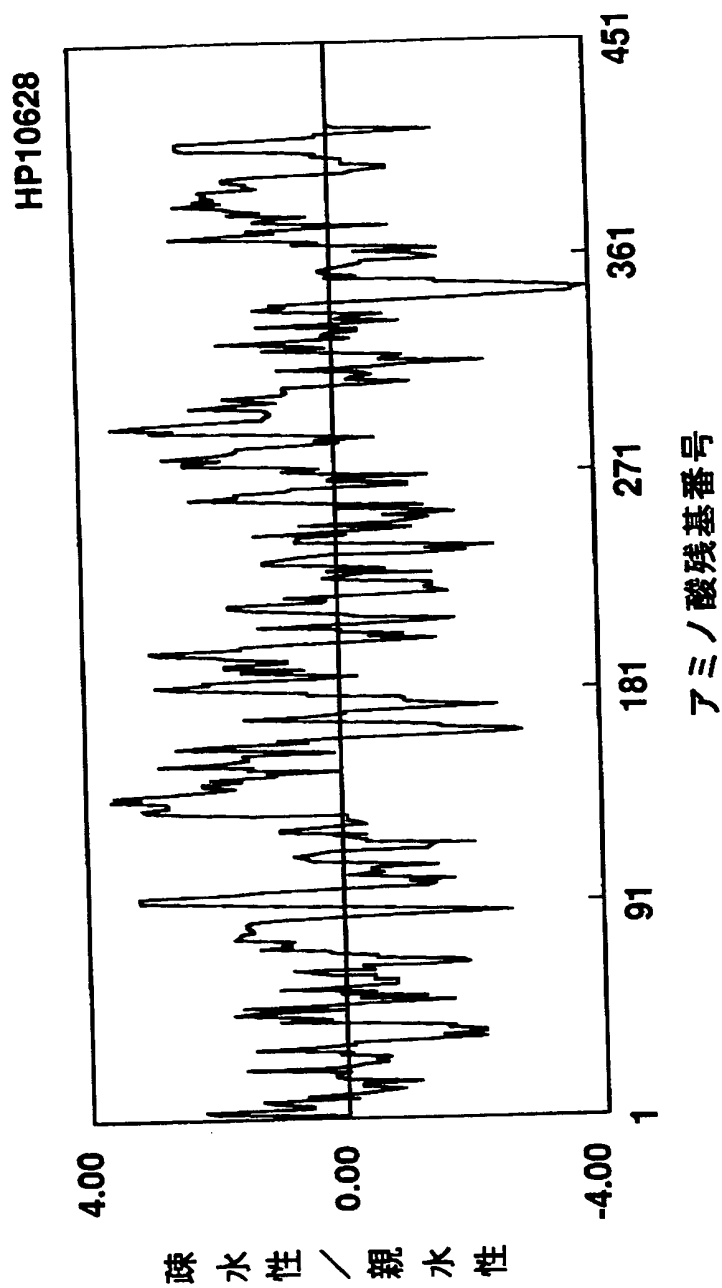
【図 1】



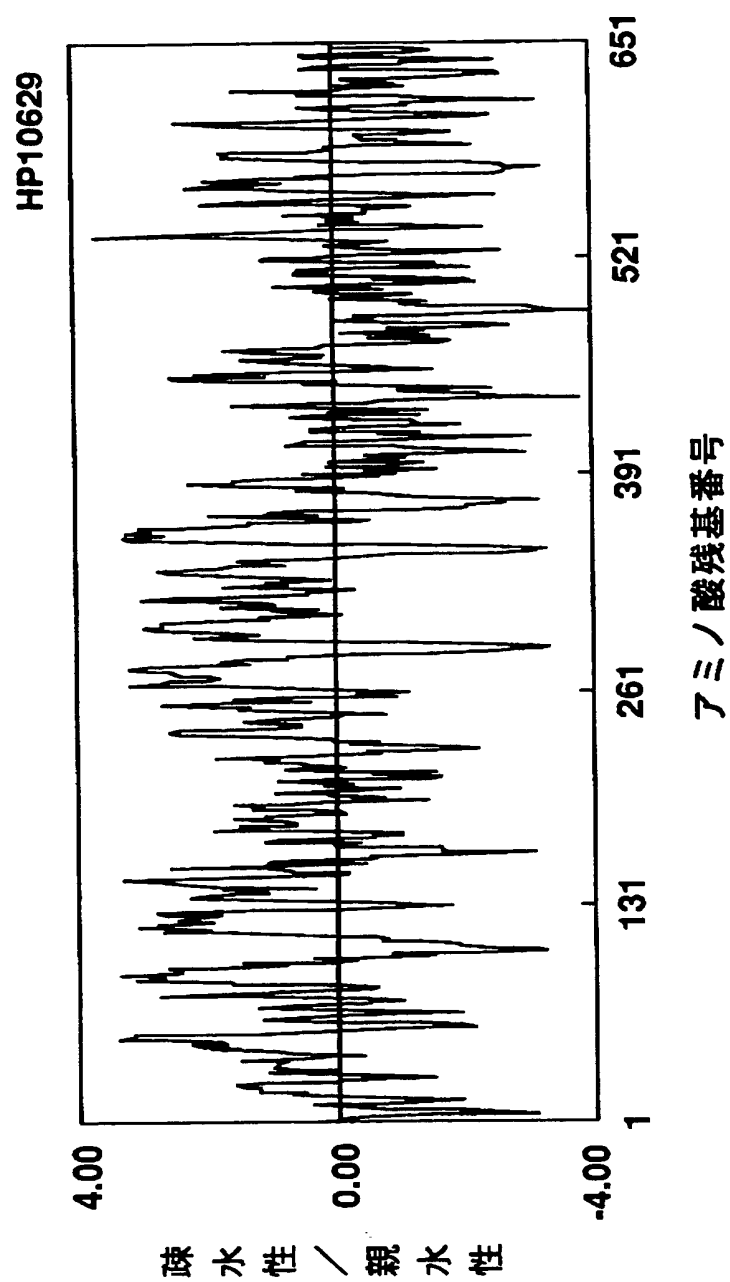
【図2】



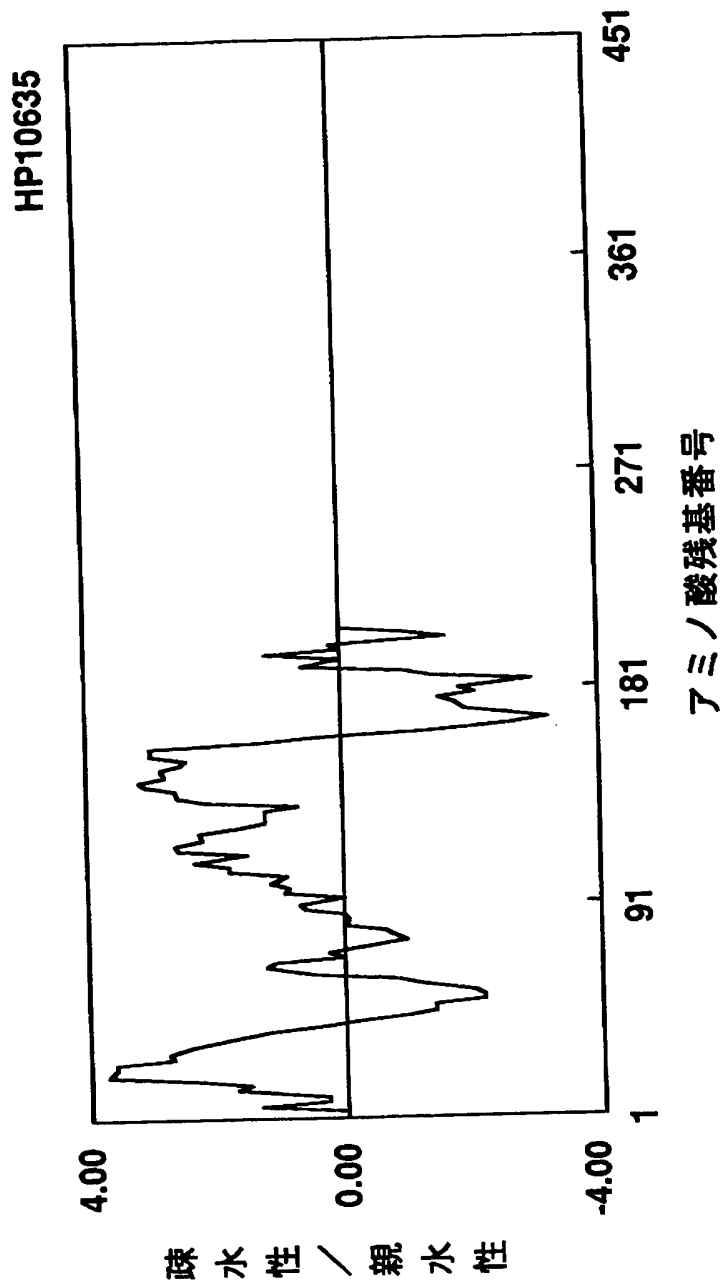
【図3】



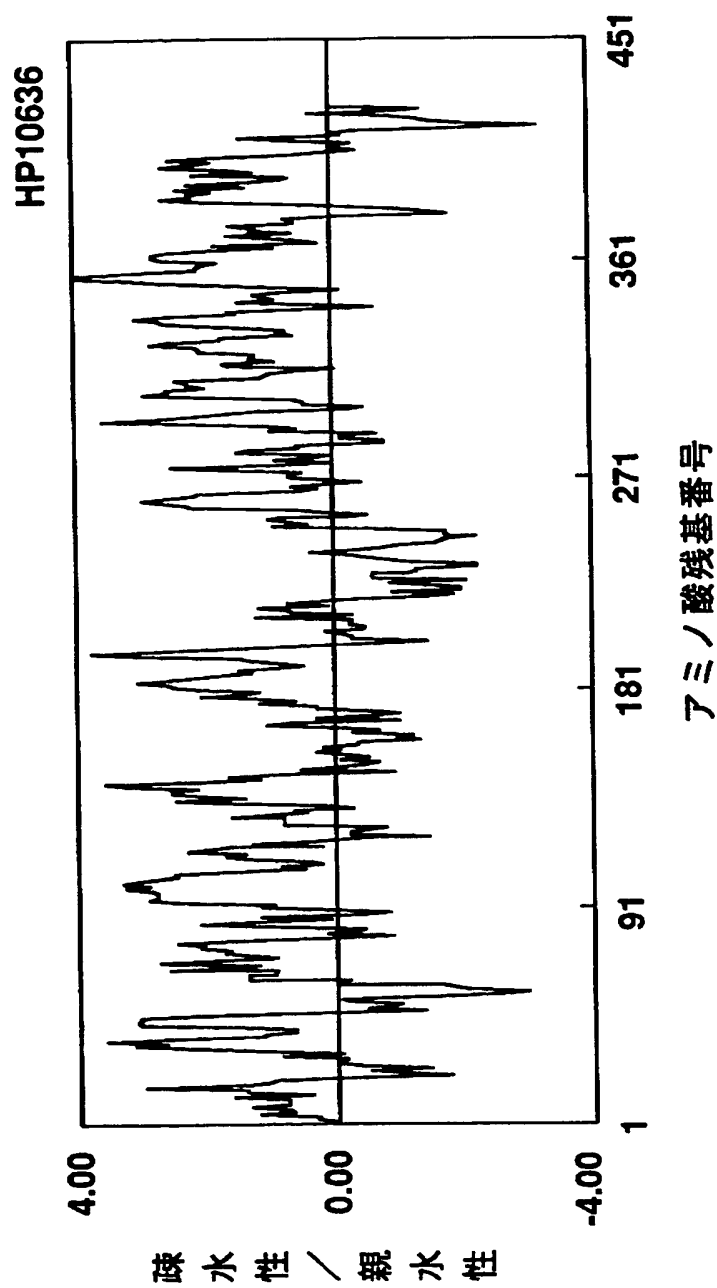
【図4】



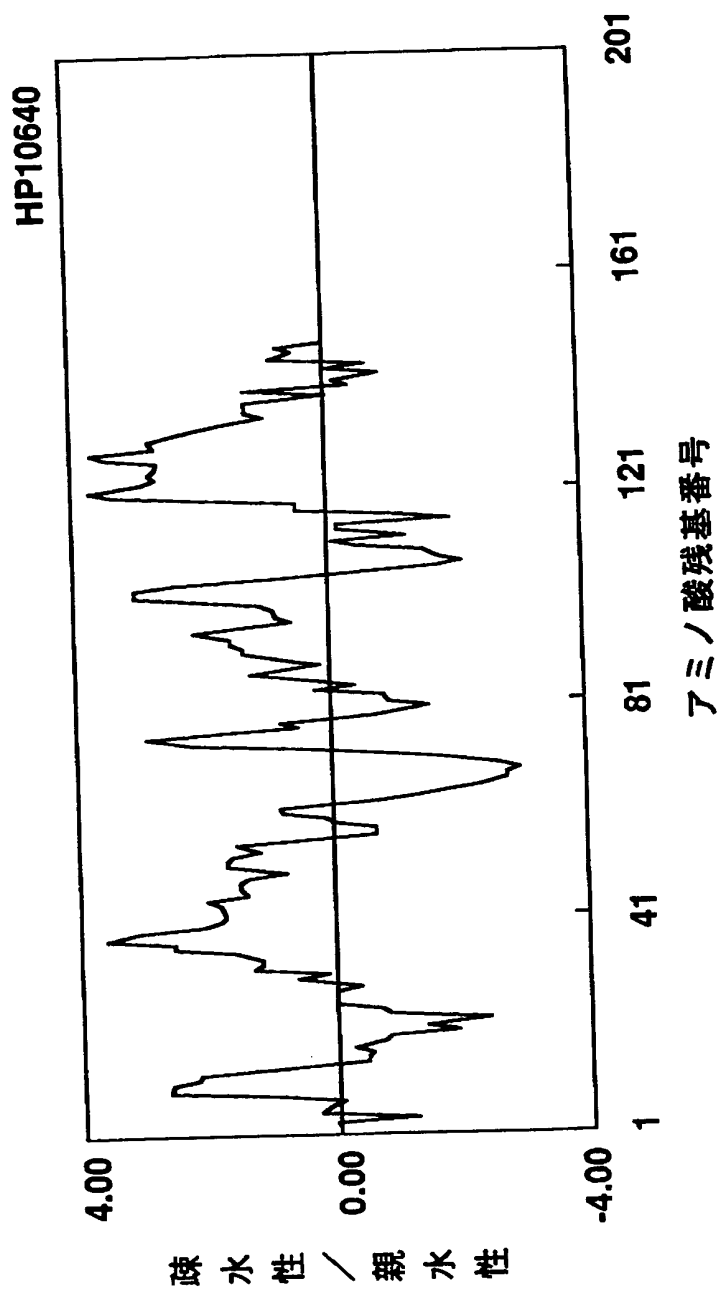
【図 5】



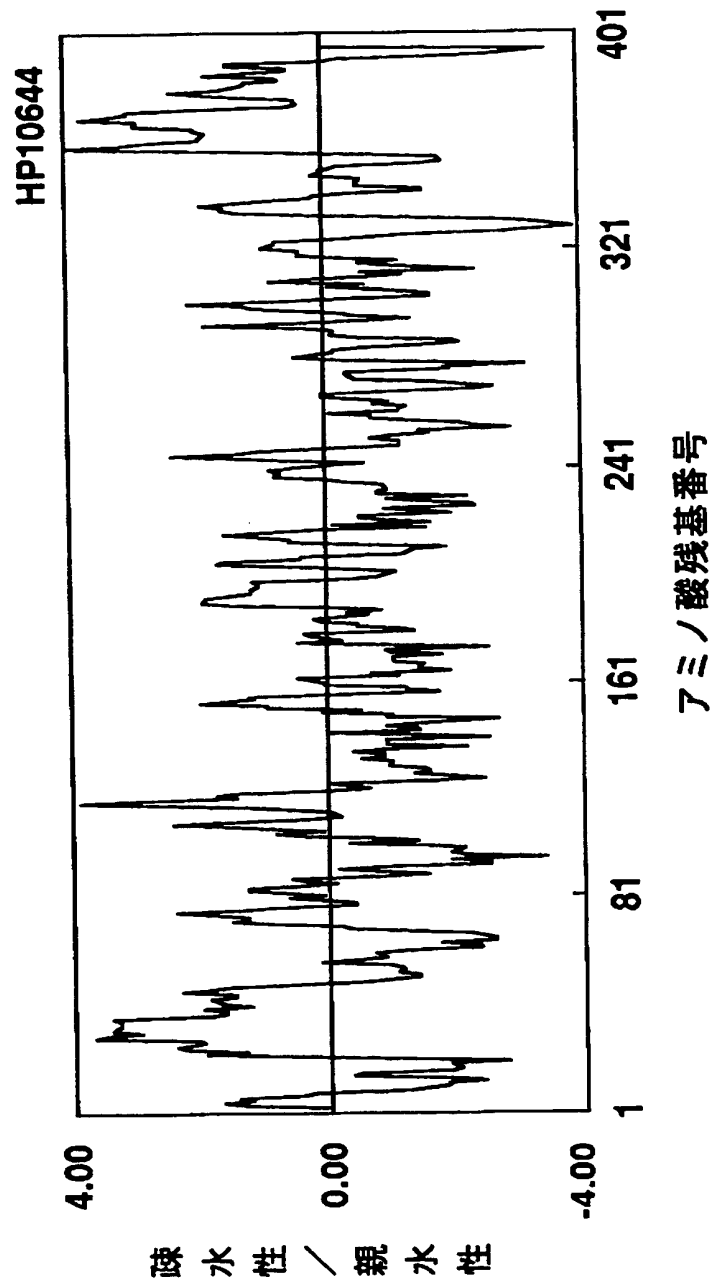
【図 6】



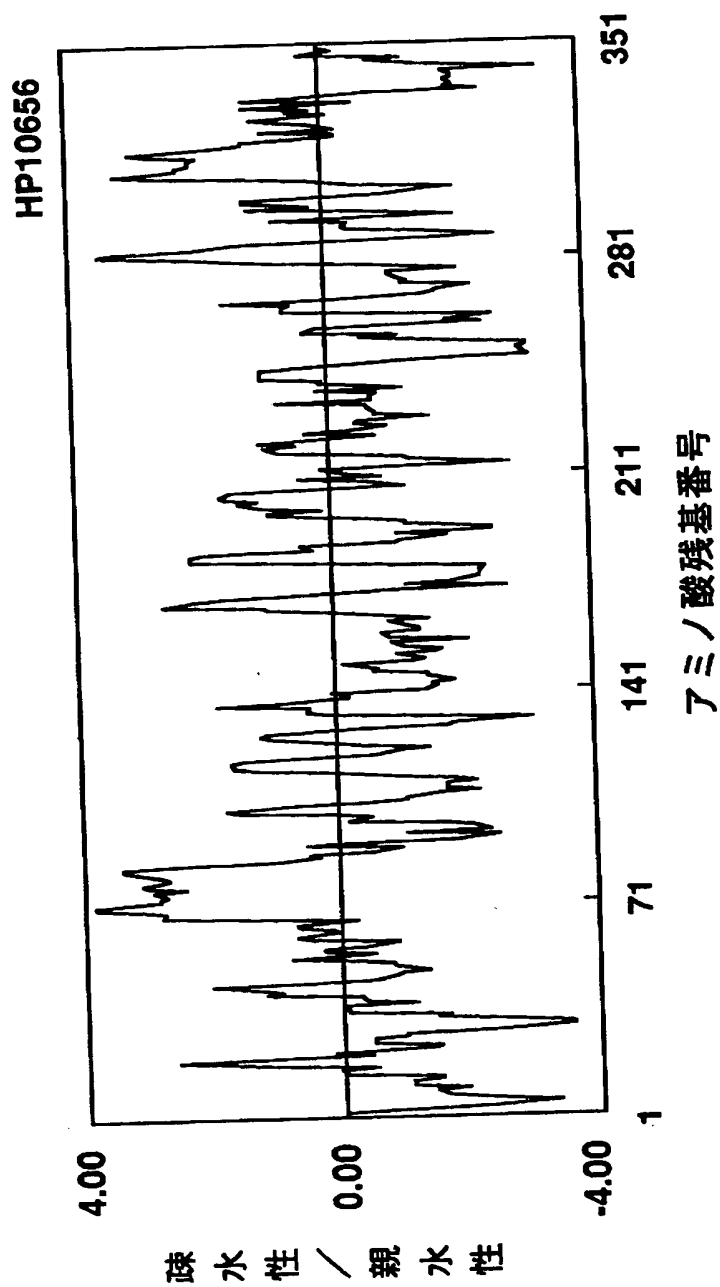
【図 7】



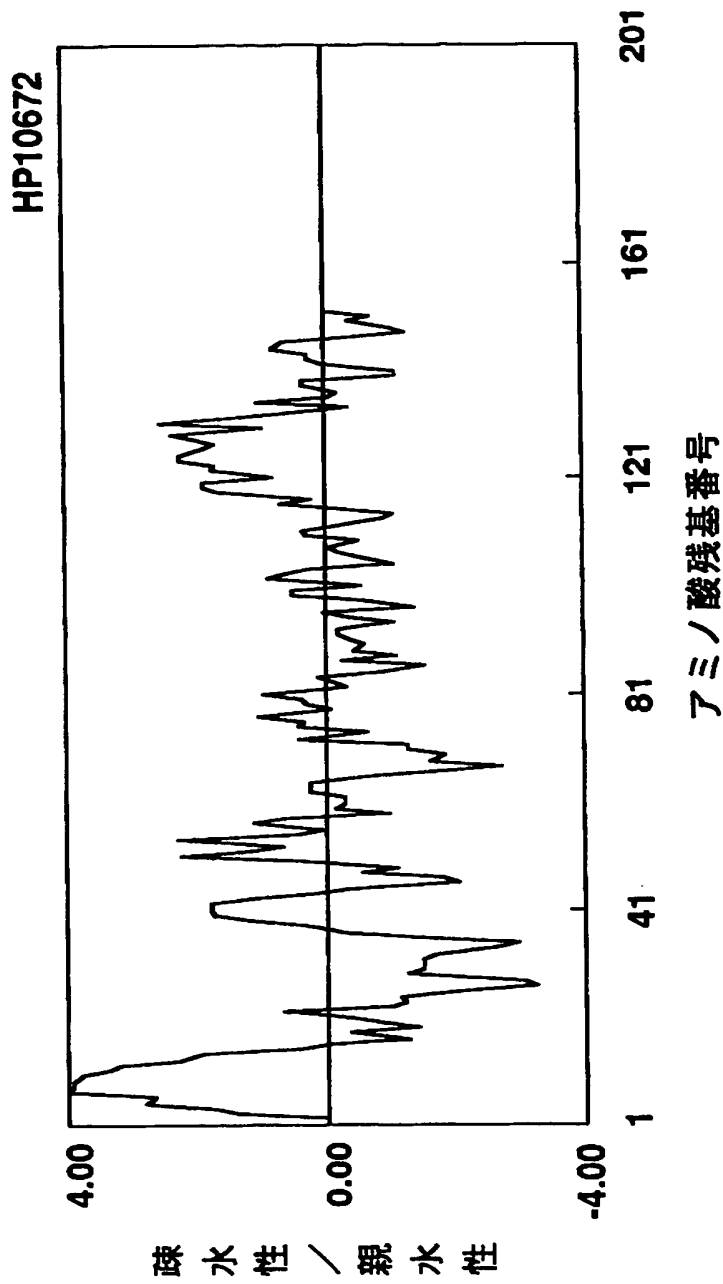
【図 8】



【図 9】



【図 10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列を含む cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA の組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

認定・付加情報

特許出願の番号	平成 11 年 特許願 第 069811 号
受付番号	59900238501
書類名	特許願
担当官	喜多川 哲次 1804
作成日	平成 11 年 6 月 9 日

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼 4 丁目 4 番 1 号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町 2 丁目 20 番 3 号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン

次頁無

認定・付加情報

特許出願の番号	平成 11 年 特許願 第 069811 号
受付番号	59900238501
書類名	特許願
担当官	喜多川 哲次 1804
作成日	平成 11 年 12 月 8 日

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼 4 丁目 4 番 1 号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町 2 丁目 20 番 3 号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン

次頁無

出願人履歴情報

識別番号

[000173762]

1. 変更年月日

1995年 4月14日

[変更理由]

住所変更

住 所

神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

氏 名

財団法人相模中央化学研究所

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[596134998]

1. 変更年月日

1996年 9月13日

[変更理由]

新規登録

住 所

東京都目黒区中町2丁目20番3号

氏 名

株式会社プロテジーン



5

4

3

2